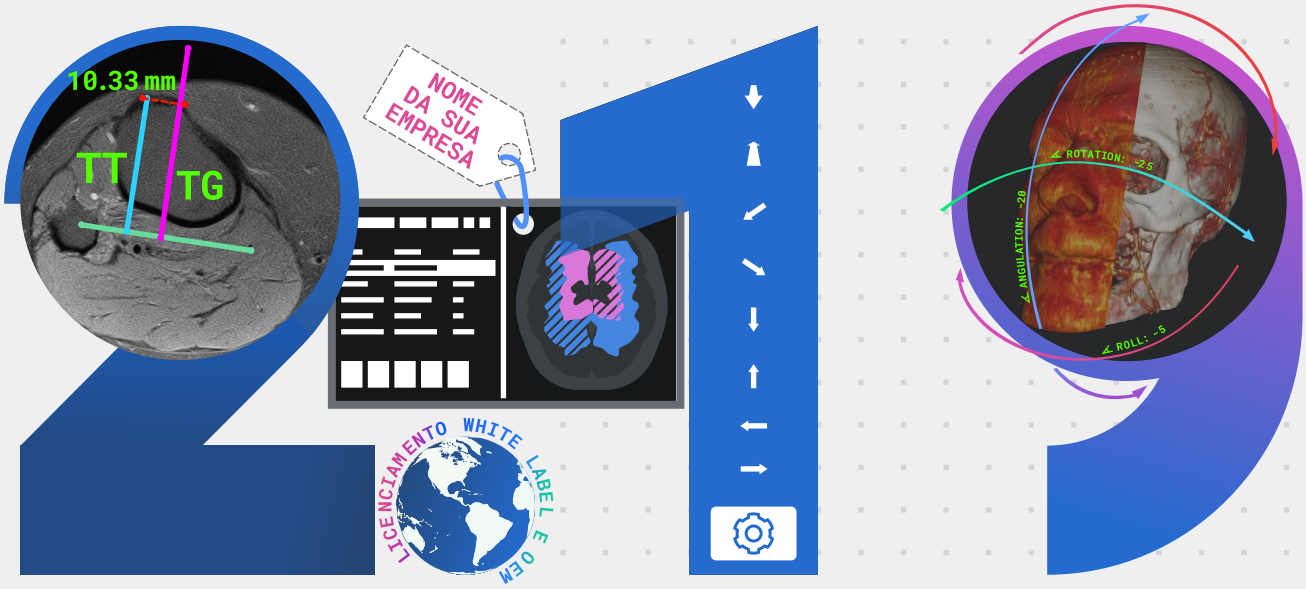
Inobitec DICOM Viewer versão 2.19

MANUAL DO USUÁRIO

Edições LITE e PRO

3.0 CHEGA EM OUTUBRO



A informação contida nesse guia é propriedade da Inobitec Software FZ-LLC, Dubai Media City, Building 05, Dubai, UAE, P.O. Box 73030. O guia é entregue ao usuário do produto digital Inobitec DICOM Viewer para utilizar exclusivamente no trabalho com esse produto. A alteração, utilização para outros fins, assim como a transferência para terceiros de qualquer informação contida nesse guia sem acordo prévio por escrito com a Inobitec Software FZ-LLC é proibida. Esse manual pode ser alterado sem aviso prévio. Os screenshots são feitos no Sistema Operacional Windows para o estilo escuro do programa. Pode haver divergência entre a aparência da interface do programa das imagens nos screenshots.

© Inobitec Software FZ-LLC 2022-2026. Todos os direitos reservados.

Contents

Contents 3

Sobre esse manual 16
Acordos recebidos . . . 16
Avisos . . . 16

Sobre o suporte técnico 17

Sobre o produto 18
Funcionalidade do DICOM Viewer . . . 19
Novas funções na versão 2.19 . . . 31

Instalação, desinstalação e lançamento programas 32
Exigências de sistema . . . 32
Instalação, desinstalar e executar do programa nos sistemas operativos da família Windows . . . 34
Instalação do programa utilizando o instalador . . . 34
Instalação ”Silenciosa” de programa . . . 44
Desinstalação o programa com o desinstalador . . . 45
Desinstalação ”Silenciosa” de um programa . . . 48
Executar o programa . . . 48
Instalação, desinstalar e executar do programa nos sistemas operativos da família macOS . . . 49
Instalação do programa . . . 49
Desinstalação o programa . . . 49
Executar o programa . . . 50
Instalação, desinstalar e executar do programa nos sistemas operativos da família Linux . . . 50
Executar do programa no formato AppImage . . . 50
Desinstalação o programa . . . 51
Lançamento de vários exemplares do programa . . . 51
Arquivos de serviço do programa . . . 52
Início do trabalho com o programa . . . 53
Primeiro lançamento do programa . . . 53
Lançamento do Web Viewer . . . 58

1 Descrição dos elementos da janela do programa 59
1.1 Menu principal . . . 60
1.1.1 Item do menu principal «Arquivo» . . . 60
1.1.2 Ponto do menu principal «Rede» . . . 61
1.1.3 Item do menu principal «Armazenamento» . . . 61
1.1.4 Item do menu principal «Exibir» . . . 61
1.1.5 Item do menu principal «Estudos» . . . 62
1.1.6 Item do menu principal «Séries» . . . 63
1.1.7 Item do menu principal «Opções» . . . 63
1.1.8 Item do menu principal «Ajuda» . . . 63
1.2 Gestão da janela . . . 64
1.3 Painel de abas . . . 64
1.3.1 Informações . . . 64
1.3.2 Gestão de abas . . . 65
1.4 Painel de ferramentas . . . 68
1.5 Seleção da fonte de dados . . . 70
1.5.1 Seleção de CD/DVD ou pasta local como fonte de dados . . . 71
1.5.2 Seleção de arquivo zip como fonte de dados . . . 71
1.5.3 Abertura de análises DICOM por arrasta e solta . . . 72
1.5.4 Abrir estudos DICOM a partir do menu de contexto . . . 73
1.5.5 Seleção do repositório local ou do servidor PACS como fonte de dados 74
1.6 Guardar estudos e séries numa pasta . . . 75
1.6.1 Salvamento das análises na pasta . . . 75
1.6.2 Guardar séries de estudos numa pasta . . . 76
1.7 Painel de busca . . . 77
1.7.1 Salvamento dos parâmetros de busca . . . 79
1.7.2 Busca de análises por parâmetros de preset salvo . . . 79
1.8 Painel de seleção do servidor . . . 80
1.9 Painel de análises . . . 80
1.9.1 Configuração do painel de análises . . . 81
1.9.2 Ordenação das análises . . . 81
1.9.3 Edição do nome do paciente e descrição da análise . . . 82
1.9.4 Exportar a lista de estudos . . . 84
1.10 Painel de séries . . . 85
1.11 Painéis de carregamento/descarregamento de análises e séries . . . 86
1.12 Painel de informações . . . 87
1.13 Desempacotamento de séries . . . 88
1.14 Botões de gestão de ferramentas . . . 88
1.15 Controle de gestos no monitor de tela sensível ao toque . . . 89

2 Visualização de imagens planas 91
2.1 Abertura de série . . . 91
2.2 Abrir série com as configurações atuais . . . 93
2.3 Menu de contexto do separador Visualizador de imagens . . . 94
2.4 Detalhes do trabalho com vários monitores e tela divida . . . 95
2.5 Seleção do filtro de interpolação . . . 97
2.6 Filtros de imagem . . . 98
2.6.1 Filtros predefinidos . . . 99

2.6.2 Filtros personalizados . . . 100
2.6.3 Ações com filtros . . . 101
2.7 Visualização das imagens da série . . . 102
2.8 Navegação entre séries . . . 103
2.9 Visualização de várias análises ao mesmo tempo . . . 104
2.10 Visualização de várias séries simultaneamente . . . 106
2.10.1 Modo automático de posicionamento de séries . . . 107
2.10.2 Modo de posicionamento sequencial de séries . . . 108
2.10.3 Modo de posicionamento de séries em grade . . . 108
2.10.4 Modo de posicionamento de séries em grade . . . 109
2.11 Visualização de várias imagens de uma série simultaneamente . . . 110
2.12 Visualizar vários episódios como um episódio multifásico . . . 112
2.13 Visualização de imagens em projeções ortogonais . . . 114
2.14 Ferramenta «Executar» . . . 115
2.15 Gravação de vídeo . . . 116
2.16 Zoom. Posicionamento. Curva . . . 118
2.16.1 Zoom . . . 118
2.16.2 Reposicionamento . . . 119
2.16.3 Curva . . . 119
2.17 Configuração da altura e da largura da janela (Windows Level W/L) . . . 119
2.17.1 Definição dos valores de largura e nível da janela para uma predefinição personalizada . . . 122
2.17.2 Ações com predefinições . . . 123
2.17.3 Opções complementares de configuração de largura e altura da janela . 125
2.17.4 Configuração de altura e largura da janela ao visualizar séries unificadas 126
2.17.5 Configuração da velocidade de alteração de nível e largura da janela (W/L) . . . 126
2.18 Lupa . . . 128
2.19 Medições . . . 129
2.19.1 Medições lineares . . . 130
2.19.2 Visualizar ângulos entre réguas de intersecção . . . 131
2.19.3 Medidas poligonais . . . 131
2.19.4 Ângulos de medição . . . 132
2.19.5 Medição de ângulos Cobb . . . 132
2.19.6 Medição de intensidade no ponto . . . 134
2.19.7 Medição do valor médio e desvio padrão de intensidade na área . . . 135
2.19.8 Medição do índice cardiotorácico (CTR) . . . 136
2.19.9 Medição da distância TT-TG . . . 137
2.19.10 Parâmetros de desenho . . . 138
2.19.11 Mover medidas . . . 139
2.19.12 Mover os resultados das medições . . . 139
2.19.13 Eliminação de medições . . . 140
2.19.14 Medição de distância e área em exames de ultrassom . . . 140
2.19.15 Medição do valor do intervalo de tempo e da velocidade do fluxo sanguíneo. Em exames de ecografia. . . . 140
2.20 Módulo de Análise de Perfusão . . . 141
2.20.1 Abrindo uma série no módulo de análise de perfusão . . . 141
2.20.2 Definição do intervalo de tempo no painel de perfusão . . . 142

2.20.3 Avaliação dos parâmetros de perfusão cerebral 144
2.20.4 Modo de visualização de mapas 148
2.20.5 Configurações avançadas do algoritmo de avaliação Bayesian 152
2.20.6 Configurações avançadas da operação de desconvolução 156
2.21 Avaliação dos parâmetros de fluxo sanguíneo 157
2.21.1 Abertura de série no modo de avaliação de parâmetros do fluxo sanguíneo 158
2.21.2 Alteração dos parâmetros de configuração da série CF IRM 162
2.21.3 Construção e edição de vaso sanguíneos ROI 162
2.21.4 Painel de análise do fluxo sanguíneo. Exibição dos resultados da análise geral do fluxo sanguíneo 164
2.21.5 Cálculo dos parâmetros gerais do fluxo sanguíneo 167
2.21.6 Construção da trajetória da onda de pulso 169
2.21.7 Captura dos resultados da análise ampliada do fluxo sanguíneo sem construção da trajeótria da onda de pulso 172
2.21.8 Painel de análise do fluxo sanguíneo. Exibição dos resultados da Análise Avançada do Fluxo Sanguíneo 173
2.21.9 Cálculo de parâmetros para análise do fluxo sanguíneo avançada 175
2.21.10 Avaliação dos parâmetros de fluxo sanguíneo com base em duas seções 177
2.22 «Costura» de imagens 180
2.22.1 Abrir uma série no modo de costura de imagem 181
2.22.2 Painel de funções para «coser» imagens 182
2.22.3 Adicionar imagens para costura 183
2.22.4 Correspondência manual de imagens 184
2.22.5 Correspondência automática de imagens 185
2.22.6 «Costura» de imagens combinadas 185
2.22.7 Exportar os resultados da costura de imagens 187
2.22.8 Imprimir os resultados da costura de imagens 187
2.23 Visualização de imagens 187
2.23.1 Seleção da tabela de cores 187
2.23.2 Editar a lista das tabelas de cores 188
2.23.3 Parâmetros da tabela de cores 190
2.23.4 Criação e edição de tabelas de cores 192
2.23.5 Importação de tabelas de cores personalizadas 194
2.24 Medição de SUV 195
2.25 Determinação da concentração de cálcio nas artérias coronárias 198
2.25.1 Construção das áreas de medição 198
2.25.2 Ações com áreas de medição 200
2.25.3 Resultados das medições 201
2.26 Projeções em seções 203
2.26.1 Menu de ferramenta 204
2.26.2 Configuração das linhas de projeção 205
2.27 Configuração da área de trabalho do DICOM Viewer 205
2.28 Exportação de imagens 207
2.28.1 Exportar para o DICOM 207
2.28.2 Exportar para uma imagem 210
2.29 Modo DSA 212
2.29.1 Visualização com cálculo de frames únicos 212

2.29.2 Visualização com dedução de uma série de frames 214
2.29.3 Visualização com subtração de várias séries do mesmo estudo, combinadas numa série multifásica 214
2.30 Informações de imagem na janela da série 215
2.30.1 Cubo de orientação 215
2.30.2 Régua 215
2.30.3 Informação do frame 215
2.30.4 Informação sobre o paciente 216
2.31 Visualização dos marcadores DICOM 216
2.32 Visualizar relatórios estruturados 216
2.33 Ferramenta «Anotação gráfica» 218
2.33.1 Informação geral 218
2.33.2 Construção das anotações 219
2.33.3 Marcação da coluna vertebral 222
2.33.4 Ações com as anotações 224
2.34 Sincronização de frames 225
2.35 Sincronização por ponto 227
2.36 Ferramenta «Espelhar imagem horizontalmente / verticalmente» 227
2.37 Calibração do dimensionamento 227
2.38 Coeficiente de difusão medido 229

3 Reconstrução volumétrica 230
3.1 Visualização de imagens 230
3.2 Projeção do modelo 231
3.3 Ações com o modelo 233
3.3.1 Definição dos ângulos de orientação do modelo 235
3.3.2 Exibição dos ângulos de orientação do modelo 236
3.4 Ferramentas de posicionamento de modelos 236
3.4.1 Ferramenta «Deslocar» 236
3.4.2 Ferramenta «Girar» 237
3.4.3 Ferramenta «Zoom» 237
3.5 Ferramenta «Selecionar o ponto de modelo» 237
3.6 Ferramenta «Executar» 238
3.7 Gravação de vídeo 239
3.8 Ferramentas de corte 239
3.8.1 Ferrament «Corte polígono» 239
3.8.2 Ferramenta «Corte polígono invertido» 240
3.8.3 Ferramenta «Cortar objeto» 240
3.8.4 Ferramenta «Cortar tudo exceto objeto» 240
3.8.5 Parâmetros de ferramentas de corte 240
3.8.6 Ferramentas de edição do volume do pincel 241
3.8.7 Ferramentas de Edição Inteligente de Volume 243
3.8.8 Ferramenta «Remover mesa» 244
3.9 Centralização 245
3.10 Caixa de Corte 245
3.11 Medidas 247
3.11.1 Medições lineares 247
3.11.2 Régua poligonal 248

3.11.3 Medições na superfície do volume visível . . . 249
3.11.4 Medição do ângulo espacial . . . 251
3.11.5 Ferramenta «Ícone da seta» . . . 252
3.11.6 Definir o tamanho do texto para as ferramentas de medição . . . 254
3.12 Marcadores . . . 254
3.13 Exportação de modelo . . . 255
3.13.1 Exportação de frames de um modelo rotativo para uma série . . . 255
3.13.2 Exportação de frames de um modelo rotativo para arquivos . . . 255
3.14 Configuração de visualização . . . 255
3.15 Reconstrução por série com diferentes distâncias entre seções . . . 257
3.16 Subtração de volumes para as séries combinadas . . . 258
3.17 Remoção de estruturas ósseas . . . 260
3.17.1 Remoção de estruturas ósseas no modo manual (interativo) . . . 260
3.17.2 Remoção de estruturas ósseas em modo manual (automático) . . . 261
3.17.3 Remoção de estruturas ósseas para uma série combinada . . . 262

4 Fusão de séries 265
4.1 Criar uma série mesclada . . . 266
4.2 Combinando séries de diferentes análises . . . 268
4.3 Misturando camadas . . . 269
4.3.1 Bloquear o sistema de coordenadas da camada . . . 271
4.3.2 Combinação automática de camadas . . . 272
4.3.3 Combinação manual de camadas . . . 273
4.3.4 Combinação de camadas por pontos . . . 274
4.3.5 Exportação e importação de matrizes de combinação de camadas . . . 277
4.4 Registro de imagens . . . 278
4.4.1 Registro de séries . . . 279
4.4.2 Registrando múltiplas fases . . . 281
4.5 Ações com a série combinada . . . 282
4.6 Costura de camadas . . . 283
4.7 Volumes de «ligação» . . . 285

5 Reconstrução multiplanar (MPR) 289
5.1 Abrindo uma análise na Janela de Reconstrução Multiplanar . . . 289
5.2 Elementos da representação do MPR . . . 290
5.2.1 Definir a localização das janelas do plano seccional . . . 291
5.3 Filtros de interpolação . . . 293
5.4 Filtros de imagem . . . 294
5.5 Trabalhando com planos ortogonais . . . 294
5.5.1 Modos de exibição . . . 294
5.5.2 Trabalhando com planos no modo de cursores 3D . . . 295
5.5.3 Trabalhando com planos no modo de planos de seção . . . 296
5.6 Sincronizar as séries nos separadores «Reconstrução MPR» . . . 296
5.7 Reconstrução curvilínea . . . 299
5.7.1 Construção de superfície . . . 299
5.7.2 Selecionando a opção para exibir o desdobramento da curva . . . 300
5.7.3 Configuração de curva . . . 303
5.7.4 Ações com a Curva . . . 304

5.7.5 Localização da curva, seus nós e superfície no espaço 305
5.7.6 Modo de Seções de Reconstrução Curvilínea 306
5.8 Visualização de planos seccionais num modelo 3D 310
5.9 Ferramenta «Configurações de renderização» 313
5.10 Ferramenta «Executar» 313
5.11 Gravação de vídeo 314
5.12 Marcadores 314
5.12.1 Informação geral 314
5.12.2 Adicionando marcadores como pontos 315
5.12.3 Adicionando uma linha de marcador 315
5.12.4 Linha de marcadora poligonal 316
5.12.5 Ações com marcadores 317
5.12.6 Propriedades dos marcadores 317
5.12.7 Localização de marcadores no espaço 317
5.13 Modos de reconstrução. Espessura da camada 318
5.13.1 Modos de reconstrução 318
5.13.2 Espessura da camada 318
5.14 Girar a imagem no plano da seção 319
5.15 Ferramenta «Inverter a imagem horizontalmente / verticalmente» 320
5.16 Ferramenta «Mostrar os rótulos» 320
5.17 Exportar imagens 320
5.18 Criar série 321
5.19 Medições 323
5.20 Anotações 324
5.21 Reconstrução volumétrica (reconstrução 3D) 324
5.22 Modo de análise de imagem por tensor de difusão (DTI) 325
5.22.1 Abrindo uma série no modo DTI 326
5.22.2 Abertura de uma série combinada no modo DTI 326
5.22.3 Painel «Fibras» 327
5.22.4 Selecionando Fibras Exibidas 328
5.22.5 Cor das fibras 331
5.22.6 Mapas escalares 331
5.22.7 Construção de superfície 332
5.22.8 Criando um modelo de voxel de fibras 333
5.22.9 Salvando dados em um arquivo 334

6 Segmentação 335
6.1 Painel de segmentação 337
6.2 Máscara 342
6.2.1 Criar uma nova estrutura e máscara 342
6.2.2 Alterar a máscara de estrutura utilizando tabelas de cores 343
6.2.3 Edição da máscara 344
6.2.4 Ferramenta «Definir máscara» 346
6.3 Criando uma estrutura segmentada 347
6.3.1 Criando uma estrutura por cópia 347
6.3.2 Criar uma estrutura com uma máscara vazia 347
6.4 Ações comas estruturas 348
6.5 Construção de superfície 349

6.6 Copiar superfície . . . 353
6.7 Importação e exportação de superfícies, máscaras de estruturas segmentadas e marcadores . . . 355
6.7.1 Configuração de parâmetros de exportação . . . 355
6.7.2 Exportação de superfície . . . 356
6.7.3 Configuração dos parâmetros de importação . . . 358
6.7.4 Importação de superfície . . . 360
6.7.5 Exportar a estrutura para o estudo atual . . . 361
6.7.6 Exportação da estrutura para DICOM RT . . . 361
6.7.7 Importação de estrutura do DICOM RT . . . 363
6.7.8 Exportanção de marcadores e marcadores de estruturas segmentadas . 365
6.7.9 Importação de marcadores e marcadores de estruturas segmentadas . 366
6.8 Alterar a máscara de estrutura com ferramentas de segmentação . . . 367
6.8.1 Ferramentas para preenchimento automático da máscara de estrutura segmentada . . . 369
6.8.2 A ferramenta «Restaurar» . . . 370
6.8.3 Ferramenta «Crescimento de região» . . . 371
6.8.4 Ferramenta «Segmentação de árvore de vasos» . . . 373
6.8.5 Ferramenta «Segmentação por método de divisor de águas» . . . 375
6.8.6 Ferramenta «Crescimento de múltiplos segmentos» . . . 378
6.8.7 Ferramenta «Crescimento das regiões das estruturas segmentadas» . . 379
6.9 Combinação, subtração e intersecção de estruturas . . . 381
6.9.1 Combinação . . . 381
6.9.2 Subtração . . . 383
6.9.3 Interseção . . . 383
6.9.4 Ferramenta «Subtrair dilatado» . . . 384
6.10 Criando estruturas segmentadas usando caminhos . . . 386
6.10.1 Informações gerais . . . 386
6.10.2 Construindo uma estrutura segmentada usando contornos . . . 387
6.10.3 Ações com os contornos . . . 389
6.10.4 Configurando de exibição do contorno . . . 390
6.11 Salvando e abrindo projetos de segmentação e DTI . . . 391
6.11.1 Salvando um projeto . . . 392
6.11.2 Salvamento automático de projetos . . . 393
6.11.3 Restaurando trabalho com projetos de segmentação . . . 396
6.11.4 Abrindo um projeto com dados DICOM iniciais . . . 398
6.11.5 Abrindo um projeto sem dados DICOM iniciais . . . 400
6.12 Histogramas . . . 400
6.12.1 Exibindo um histograma para uma estrutura . . . 401
6.12.2 Histograma para ROI . . . 402

7 Análise de vasos 404
7.1 Abrindo uma análise no módulo de análise vascular . . . 404
7.1.1 Lista de vasos . . . 408
7.2 Ferramenta «Configurações de renderização» . . . 409
7.3 Ferramenta «Executar» . . . 409
7.4 Gravação de vídeo . . . 409
7.5 Filtros de imagem . . . 410

7.6 Modo de construção de linha central 410
7.6.1 Construindo uma linha central 411
7.7 Modo de análise de vasos 413
7.7.1 Limites do vaso 414
7.7.2 Análise das seções do vaso 416
7.7.3 Análise de desdobramento do vaso 418
7.7.4 Exportação da superfície do vaso 419
7.8 Análise das artérias coronárias 419

8 Análise do cardíaca 421
8.1 Modo de análise da função cardíaca 422
8.1.1 Abrir um estudo para análise funcional do coração 422
8.1.2 Barra de ferramentas da análise cardíaca 426
8.1.3 Contorno manual 427
8.1.4 Determinar a extensão do ventrículo esquerdo do coração 428
8.1.5 Construção automática dos contornos endocárdicos e epicárdicos do ventrículo esquerdo do coração 430
8.1.6 Ações com contornos 432
8.1.7 Painel de contornos 432
8.1.8 Avaliação dos parâmetros funcionais cardíacos 434
8.2 Modo «Análise T1» 437
8.2.1 Abertura do estudo para análise T1 437
8.3 Exportação de imagens 441
8.4 Impressão de imagem 441

9 Análise PET 442
9.1 Abrindo uma análise na janela de análise PET 442
9.1.1 Combinando séries do mesmo estudo na aba de análise PET 443
9.1.2 Combinando múltiplas séries de estud na aba de análise PET 444
9.1.3 Visualização de imagens de séries no separador Análise PET 445
9.2 Elementos da aba 445
9.2.1 Janelas na aba de análise PET 445
9.2.2 Definir modelos de posicionamento de janela na aba de análise PET . . 446
9.3 Modo MIP 448
9.4 Ferramenta «Executar» 449
9.5 Gravação de vídeo 449
9.6 Configuração das opções da janela 450
9.7 Posicionamento das imagens 450
9.8 Visualização de imagens 451
9.9 Medições e anotações 452
9.10 Medição do valor médio e desvio padrão da intensidade no espaço 453
9.10.1 Construindo uma esfera 453
9.10.2 Localização da esfera no espaço 454
9.10.3 Ações com a esfera 455
9.10.4 Opções de renderização 455
9.11 Sincronização na aba de análise PET 456

10 Endoscopia virtual **457**
10.1 Abrindo uma análise na janela de endoscopia virtual . . . 457
10.2 Elementos da representação. Configurando o painel MPR . . . 458
10.2.1 Elementos de representação . . . 458
10.2.2 Configuração da barra de navegação do MPR . . . 459
10.3 Movimento da câmera . . . 460
10.3.1 Movimento automático da câmera . . . 460
10.3.2 Controle manual da câmera . . . 461
10.4 Gravação de vídeo . . . 462
10.5 Configuração de imagem . . . 462
10.6 Medidas e marcadores . . . 462
10.7 Reconstrução multiplanar . . . 463
10.8 Reconstrução de polígonos . . . 463
10.8.1 Criação de superfície . . . 463
10.8.2 Orientação de superfície e navegação . . . 464
10.9 Exportar . . . 465

11 Visualizando um ECG **466**
11.1 Selecionando uma fonte de dados . . . 466
11.2 Abrindo uma série no visualizador de ECG . . . 466
11.3 Visualização de gráficos . . . 467
11.4 Painel de ferramentas . . . 468
11.4.1 Seleção de guias . . . 468
11.4.2 Velocidade do ECG . . . 469
11.4.3 Escala . . . 469
11.4.4 Intervalo . . . 469
11.4.5 Intervalo de valor . . . 469
11.4.6 Ir para um tempo específico no gráfico . . . 470
11.4.7 Configuração do plano de coordenadas . . . 470
11.5 Filtros de frequência . . . 471
11.6 Exportação de séries . . . 472

12 Etiquetagem de imagens **473**
12.1 Licenciamento do módulo de marcação de imagens . . . 474
12.2 Abrir uma série no modo de marcação de imagem . . . 475
12.3 Criar uma árvore de grupos e classes de objetos . . . 476
12.3.1 Criar uma nova classe de objetos . . . 477
12.3.2 Criar um grupo de classes de objetos . . . 478
12.3.3 Ações com grupos e classes de objetos . . . 478
12.3.4 Compatibilidade das árvores de grupos e classes . . . 479
12.4 Exportar e importar a árvore de grupos e classes . . . 480
12.4.1 Exportar a árvore de grupos e classes . . . 480
12.4.2 Importar a árvore de grupos e classes . . . 481
12.5 Seleção de objetos com contornos . . . 481
12.5.1 Ações com contornos de objetos . . . 483
12.5.2 Alterar a classe de contorno do objeto . . . 483
12.6 Guardar e descarregar resultados de marcação . . . 484
12.6.1 Guardar os resultados da marcação . . . 484

12.6.2 Descarregar os resultados da marcação 485
12.7 Exportar resultados de marcação 486

13 Rede 487
13.1 Serviços 487
13.1.1 Serviço DICOM (funcionalidade do servidor PACS)) 487
13.1.2 Serviço HIS/HTTP 488
13.1.3 Acesso à web 489
13.1.4 Serviço DICOM seguro de recebimento de arquivos 490
13.2 Configurando uma conexão com servidores PACS 494
13.2.1 Adicionando um novo servidor PACS 495
13.2.2 Descarregar dados do servidor PACS através do serviço O WADO 497
13.2.3 Conexão segura ao servidor PACS usando o protocolo TLSS 498
13.2.4 Verificando a disponibilidade do servidor PACS 500
13.2.5 Configurando uma conexão usando o exemplo de dois aplicativos Inobitec DICOM Viewer 500
13.3 Status de operações de rede 501

14 Armazenamento Local 503
14.1 Visualização do status do armazenamento 503
14.2 Verificação de armazenamento 504
14.3 Limpando o armazenamento 504
14.4 Limpeza automática de armazenamento 504

15 Editor de discos 505
15.1 Informação geral 505
15.2 Adicionando dados a uma imagem de disco 507
15.2.1 Adicionar dados automaticamente a uma imagem de disco 507
15.2.2 Adicionar dados manualmente a uma imagem de disco 507
15.2.3 Adicionando o Inobitec DICOM Disc Viewer a uma imagem de disco . . 508
15.3 Gravação de imagem 508
15.3.1 Gravação da imagem em um disco óptico 508
15.3.2 Gravar uma imagem em um cartão de memória ou pasta 510
15.3.3 Gravação de imagem em disco CD/DVD no sistema operacional macOS 510
15.3.4 Possíveis erros de gravação e vias de sua correção 511
15.4 Visualização de análises gravadas em disco 511

16 Configurações o DICOM Viewer 513
16.1 Seção «Geral» 514
16.2 Seção «Interface do usuário» 515
16.3 Secção Comportamento 516
16.4 Seção «DICOM» 517
16.5 Seção «Tela» 517
16.5.1 Configuração de um monitor adicional 517
16.5.2 Personalizar parâmetros de ecrãs individuais 519
16.5.3 Suporte para monitores HD 520
16.5.4 Suporte de gestos em monitores táteis 520
16.6 Seção «Capa» 520

16.7 Seção «Módulos» . . . 521
16.7.1 Personalizando o «Visualizador de imagens» . . . 521
16.7.2 Configurando o módulo «Lista de estudos» . . . 523
16.7.3 Configurando o módulo «Reconstrução 3D» . . . 523
16.7.4 Configurando o módulo «Análise de vasos» . . . 525
16.7.5 Configurando o módulo de «Suporte de rede» . . . 526
16.7.6 Configurando o módulo de «Armazenamento de dados» . . . 526
16.7.7 Configurando o módulo de «Editor DICOM CD/DVD» . . . 526
16.7.8 Set Up Series fusion Module . . . 527
16.7.9 Configurando o módulo de «Análise PET» . . . 527
16.7.10 Personalizar as ações do rato . . . 528
16.8 Seção «Teclas de atalho» . . . 528
16.9 Importando e exportando configurações . . . 530
16.9.1 Exportar configurações . . . 530
16.9.2 Importar configurações . . . 531
16.9.3 Importação de tabelas de cores . . . 531

17 Visualização de tags DICOM 532
17.1 Informações gerais sobre tags DICOM . . . 532
17.2 Janela do visualizador de tags DICOM . . . 533
17.2.1 Painel de ferramentas . . . 534
17.2.2 Árvore de tags . . . 535
17.2.3 Pesquisar . . . 535
17.3 Anonimização de análises e séries . . . 536

18 Editor de protocolos 540
18.1 Janela do editor . . . 540
18.1.1 Barra de ferramentas . . . 541
18.1.2 Ferramentas de edição de texto . . . 542
18.2 Ações no âmbito do protocolo . . . 546
18.2.1 Criar um protocolo vazio . . . 546
18.2.2 Criar um protocolo com base num modelo . . . 547
18.2.3 Guardar um protocolo . . . 548
18.2.4 Exportar um protocolo . . . 549
18.2.5 Visualizar e editar o protocolo . . . 549
18.3 Modelo de protocolo . . . 550
18.3.1 Criar um modelo vazio . . . 550
18.3.2 Carregar um modelo de protocolo a partir de um ficheiro . . . 551
18.3.3 Exportar o modelo de protocolo . . . 551
18.3.4 Visualizar e editar o modelo de protocolo . . . 551
18.3.5 Guardar o modelo de protocolo . . . 552
18.3.6 Eliminar um modelo de protocolo . . . 552

19 Imprimindo imagens 553
19.1 Lista de impressão . . . 553
19.1.1 Adicionando e excluindo imagens nas janelas de visualização de imagens planas -e mesclando séries . . . 554

19.1.2 Adicionando imagens nas janelas de reconstrução multiplanar e reconstrução volumétrica . . . 554
19.1.3 Adicionar uma série e limpar a lista de impressão . . . 555
19.1.4 Adicionando imagens de diferentes análises . . . 555
19.2 Trabalhando com a lista de impressão nas janelas de visualização . . . 555
19.2.1 Visualização prévia . . . 555
19.2.2 Editando modelos de página . . . 559
19.2.3 Células . . . 560
19.2.4 Impressão de anotação . . . 561
19.2.5 Imagem de referência . . . 561
19.3 Imprimindo imagens em filme . . . 563
19.3.1 Configurando impressoras DICOM . . . 563
19.3.2 Configurando opções de impressão DICOM . . . 565
19.3.3 Definindo as configurações padrão de impressão DICOM . . . 565
19.3.4 Impressão . . . 567
19.4 Imprimindo imagens da lista de impressão no papel . . . 567
19.5 Exportar páginas de impressão . . . 567

20 Integração 569
20.1 Lançamento do programa a partir da linha de comando . . . 569
20.2 Iniciar o DICOM Viewer por comando URL . . . 572
20.2.1 Ativar o lançamento do DICOM Viewer por comando URL no SO Windows . . . 572
20.2.2 Ativação do arranque do DICOM Viewer por comando URL no SO Linux . . . 572
20.2.3 Ativar o lançamento do DICOM Viewer por comando URL no macOS . . . 573
20.2.4 Iniciar o DICOM Viewer utilizando o comando URL . . . 573
20.3 Serviço HTTP RPC de chamada de procedimentos remota . . . 574
20.3.1 Comando «DownloadAndOpenStudy» . . . 574
20.3.2 Comando «DisplayStudy» . . . 577
20.3.3 Arquivos de Configuração do Serviço HTTP RPC . . . 578

21 Licenciamento 582
21.1 Período de teste . . . 582
21.2 Primeiro lançamento, licenciamento . . . 582
21.2.1 Registo no servidor de licenças através da Internet . . . 582
21.3 Comprando uma licença . . . 583

22 Sistema de ajuda e suporte ao usuário 584
22.1 Sistema eletrônico de ajuda . . . 584
22.1.1 Iniciando o e-Manual . . . 584
22.1.2 Configurando o e-Manual . . . 585
22.2 Dicas . . . 585

«Teclas de atalho» 586

Índice de assuntos 593

Sobre esse manual

Na gestão do usuário estão descritas as possibilidades funcionais e a ordem do trabalho com o produto Inobitec DICOM Viewer versão 2.19.

Acordos recebidos

Em negrito são destacados os nomes dos elementos da interface do programa, teclas do teclado, assim como avisos importantes e notas.

Em letra cursiva são destacadas as notas sob as imagens.

No índice remissivo, **em negrito** são destacados os números das páginas nas quais há uma descrição mais detalhada do objeto.

Avisos

Os avisos servem para atrair a atenção para informações importantes. Os tipos de avisos são:

Informar ao usuário sobre a alta probabilidade de aparecimento de consequências indesejáveis e perigosas.

Concentra a atenção do utilizador em observações importantes, conselhos e recomendações.

Sobre o suporte técnico

O suporte técnico aos usuários do produto Inobitec DICOM Viewer é feito por especialistas da Inobitec Software FZ-LLC. Para receber suporte, deve-se informar na mensagem as seguintes informações:

- nome, versão e tipo do sistema operacional do computador (essa informação pode ser obtida com o administrador de sistemas);
- a versão do DICOM Viewer (por exemplo 2.3.0.6631). Para obter a versão, selecione o menu principal **«Ajuda»**, o item **«Sobre...»**;
- código do produto. Para obter o código do produto, selecione no menu principal **«Ajuda»**, o item **«Licença...»**.

Para ter acesso ao suporte, entre em contato pelo endereço eletrônico **support@inobitec.com**

Nesse endereço também são recebidos os pedidos e ofertas.

Sobre o produto

O programa Inobitec DICOM Viewer é destinado à visualização, análise e impressão de dados médicos obtidos por diferentes dispositivos DICOM (modality). Ele é composto por estações de trabalho de diagnóstico e se integra com os servidores DICOM. O Inobitec DICOM Viewer leva as possibilidades de diagnóstico para outro nível, permite identificar de forma efetiva e rápida as patologias correspondentes, fazer o prognóstico da sua evolução, assim como planejar o seu tratamento.

Para definir os diagnósticos, o programa Inobitec DICOM Viewer deve ser utilizado apenas por especialistas que possuem a qualificação necessária nas áreas correspondentes.

O programa Inobitec DICOM Viewer e o instalador não contêm as funções:

- de obtenção e transferência de informações confidenciais do usuário;
- interceptação do tráfego de rede;
- exibição de propaganda;
- envio de spam;
- exibição de mensagens que não possuem relação direta com o trabalho;
- atualização automática sem aviso ao usuário.

Após a remoção, não é necessário alterar (restabelecer) as configurações do sistema operacional do computador e browser. O pagamento pela remoção do DICOM Viewer não é cobrado. A remoção do programa não influi negativamente no funcionamento do computador e dos programas instalados. Os arquivos não relacionados ao programa não são removidos após a desinstalação e não são alterados. As funções do programa, a sua instalação, desinstalação, e a ordem de licenciamento estão listados por completo nesse manual e no site **inobitec.com/por**. O acordo de licenciamento está disponível no link **https://inobitec.com/por/about/viewerLic/**.

O DICOM Viewer é lançado em duas versões:

- **Lite**: contém a funcionalidade disponível para o trabalho completo, assim como o armazenamento e transferência das informações pela rede. Porém faltam as ferramentas para a realização das análises mais especializadas. O valor é significativamente mais baixo que o da versão Pro.
- **Pro**: contém toda a funcionalidade desenvolvida até esse momento. Na gestão de usuário está descrita a funcionalidade marcada com «PRO».

Uma versão do DICOM Viewer, que contém a funcionalidade mínima para a visualização das análises dos pacientes é gravada no disco e no cartão de memória.

Iniciando na versão 1.11.0, até a versão «Pro», pode-se complementarmente conectar os módulos especializados. Esses módulos são licenciados e pagos separadamente. A funcionalidade principal continua disponível na versão «Pro». Na gestão do usuário a funcionalidade dos módulos complementares está marcada com o símbolo «ADD».

Se a funcionalidade não estiver disponível na versão atual, então aparecem o seguinte aviso. Nele está indicado em qual versão está disponível a funcionalidade.

Para os sistemas operacionais da família Windows, são lançadas versões de 32 bits e 64 bits do programa. Para Linux e macOS, 64 bits.. Apenas a versão de 32 bits pode ser instalada em um computador de 32 bits, enquanto no computador de 64 bits, qualquer versão pode ser instalada, porém se recomenda que a de 64 bits seja instalada, já que ela utiliza de forma mais efetiva os recursos do computador. A funcionalidade que exige uma quantidade maior de memória, está disponível apenas nas versões de 64 bits.

DICOM Viewer, na edição «Pro», não está disponível para sistemas operacionais de 32 bits.

Funcionalidade do DICOM Viewer

Tabela de comparação dos produtos da Inobitec Software FZ-LLC

Características e ferramentas do DICOM Viewer	Lite	Pro	Web
Características gerais	✓	✓	✓
Interface de utilizador multilingue	✓	✓	✓
Execução automática da aplicação	✓	✓	
Suporte para vários monitores	✓	✓	
Suporte para monitores de alta definição	✓	✓	✓
Modo de tela cheia	✓	✓	✓
Colocar uma aplicação na área de notificação	✓	✓	
Capacidade de utilizar as caixas de diálogo padrão do sistema operacional para abrir e salvar arquivos	✓	✓	
Teclas de atalho	✓	✓	✓
Controle de ferramentas com diferentes botões do mouse (LMB, RMB, MMB)	✓	✓	✓
Exportar e importar configurações	✓	✓	

Características e ferramentas do DICOM Viewer	Lite	Pro	Web
Sistema de ajuda integrado	✓	✓	✓
Exibição de fases	✓	✓	✓
Visualizar etiquetas DICOM	✓	✓	✓
Visualizar documentos PDF	✓	✓	✓
Suporte a renderização voxel	✓	✓	✓
Suporte a renderização poligonal		✓	
Exibir o nome do paciente na aba	✓	✓	✓
Exibição de etiquetas para imagens de séries e reconstrução de volume	✓	✓	✓
Destaque em cores das etiquetas e de outras informações	✓	✓	
Suporte a gestos multitoque	✓	✓	✓
Criação de links a estudos			✓
Colocação do fundo transparente para um aplicativo	✓	✓	
Visualização remota com funcionalidade limitada através do navegador Web		✓	
Modalidades Suportadas	✓	✓	✓
CR — Radiografia Computadorizada	✓	✓	✓
CT — Tomografia Computadorizada	✓	✓	✓
DOC — Documento	✓	✓	✓
DX — Radiografia Digital	✓	✓	✓
ECG — Eletrocardiografia	✓	✓	✓
EPS — Eletrofisiologia Cardíaca	✓	✓	
ES — Endoscopia			✓
IO — Radiografia Intraoral	✓	✓	✓
MG — Mamografia	✓	✓	✓
MR — Ressonância Magnética	✓	✓	✓
NM — Medicina Nuclear	✓	✓	✓
OPT — Tomografia Oftálmica	✓	✓	✓
OPV — Campo Visual Oftálmico	✓	✓	✓
OT — Outro	✓	✓	✓

Características e ferramentas do DICOM Viewer	Lite	Pro	Web
PT — Tomografia por Emissão de Pósitrons (PET)	✓	✓	✓
PX — Radiografia Panorâmica	✓	✓	✓
REG — Registro		✓	
RF — Radiofluoroscopia	✓	✓	✓
RTSTRUCT — Conjunto de Estruturas de Radioterapia		✓	
SM — Microscopia de Lâmina	✓	✓	✓
SR — Documento de Relatório Estruturado (SR)	✓	✓	✓
US — Ultrassonografia	✓	✓	✓
XA — Angiografia por Raios-X	✓	✓	✓
XC — Fotografia com Câmera Externa	✓	✓	✓
Integração com sistemas de terceiros	✓	✓	✓
Execução de um programa a partir da linha de comandos com parâmetros	✓	✓	
Execução de comandos via URL usando o protocolo inobitec://	✓	✓	
Serviço HTTP RPC de chamada de procedimento remoto	✓	✓	
Abrir estudos por link			✓
Ferramentas básicas de medição para imagens de séries e cortes MPR	✓	✓	✓
Medição linear	✓	✓	✓
Medição poligonal	✓	✓	✓
Ângulo	✓	✓	✓
Ângulo de Cobb	✓	✓	✓
Valor da intensidade num ponto	✓	✓	✓
Elipse da ROI	✓	✓	✓
Retângulo da ROI	✓	✓	✓
Polígono da ROI	✓	✓	✓
Histograma da ROI	✓	✓	✓
Medição da velocidade e do intervalo de tempo Doppler	✓	✓	
Medição de distâncias em estudos de ecografia	✓	✓	
Medição de ângulos entre réguas de intersecção		✓	

Características e ferramentas do DICOM Viewer	Lite	Pro	Web
Ferramentas de anotação para séries MPR e imagens de corte	✓	✓	✓
Elipse	✓	✓	✓
Polígono	✓	✓	✓
Ponteiro	✓	✓	✓
Texto	✓	✓	✓
Lápis	✓	✓	✓
Ferramentas especializadas	✓	✓	✓
Calibração de imagens	✓	✓	✓
Angiografia por subtração digital (DSA)	✓	✓	
Avaliação de cálcio		✓	
Ferramenta de medição do índice cardiotorácico (CRT)		✓	
Ferramenta para medição das distâncias TT-TG		✓	
Ferramenta de marcação das vértebras		✓	
Coeficiente de difusão aparente (ADC)		✓	
Avaliação dos parâmetros de fluxo sanguíneo com base em imagens de contraste de fase		✓	
Fusão de séries baseada em contraste de cores diferenciado		✓	
«Costura» de imagens		✓	
Processamento da exibição de imagens de séries e cortes MPR	✓	✓	✓
Escala	✓	✓	✓
Tamanho real	✓	✓	
Mover / Pan	✓	✓	✓
Lupa	✓	✓	✓
Rotação	✓	✓	✓
Espelhamento	✓	✓	✓
Ajuste Janela/Nível (W/L)	✓	✓	✓
Valores predefinidos de Janela/Nível	✓	✓	✓
Janela/Nível de faixa completa (W/L dinâmico)	✓	✓	
Criação de valores personalizados de Janela/Nível	✓	✓	
Tabelas de cores (CLUT)	✓	✓	✓

Características e ferramentas do DICOM Viewer	Lite	Pro	Web
Tabelas de cores personalizadas (CLUT)	✓	✓	
Suporte para tabelas de cores incorporadas nos dados DICOM	✓	✓	
Seleção de filtro de interpolação	✓	✓	
Filtros de imagem (nitidez, desfoque, mediana)		✓	
Gravação e reprodução de vídeo	✓	✓	✓
Reprodução de imagens	✓	✓	✓
Seleção da velocidade de reprodução	✓	✓	✓
Reprodução em loop	✓	✓	✓
Reprodução de vídeo a partir de DICOM			✓
Gravação de vídeo		✓	
Seleção de codec para gravação de vídeo		✓	
Exportar imagens	✓	✓	✓
Captura de tela da área de visualização	✓	✓	✓
Capturar imagem visível	✓	✓	
Capturar dados brutos	✓	✓	
Exportar para DICOM	✓	✓	✓
Exportar para arquivo (JPEG, PNG)	✓	✓	
Abrir estudos a partir de diferentes fontes	✓	✓	✓
Abrir do diretório	✓	✓	✓
Abrir do servidor PACS	✓	✓	✓
Abrir do armazenamento local	✓	✓	✓
Abertura a partir do ficheiro zip	✓	✓	✓
Leitura do DICOMDIR	✓	✓	
Carregar imagens em segundo plano	✓	✓	✓
Trabalhar com estudos	✓	✓	✓
Envio para o servidor PACS com storeSCU	✓	✓	✓
Descarregar do servidor PACS com C-GET, C-MOVE	✓	✓	✓
Atuar como servidor PACS e processar comandos C-FIND, C-MOVE, C-STORE	✓	✓	
Exportação de estudos e séries para um catálogo	✓	✓	✓

Características e ferramentas do DICOM Viewer	Lite	Pro	Web
Exportação de estudos e séries para um ficheiro zip	✓	✓	✓
Pesquisa de estudos	✓	✓	✓
Possibilidade de guardar parâmetros de pesquisa personalizados	✓	✓	
Editar o nome do paciente e a descrição do estudo no armazenamento local	✓	✓	
Anonimizar estudos e séries com a capacidade de editar etiquetas	✓	✓	
Descarregar do servidor PACS utilizando WADO	✓	✓	
Suporte para ligação segura utilizando o protocolo TLS		✓	
Visualização de imagens	✓	✓	✓
Partilha de ecrã personalizada	✓	✓	✓
Visualizar vários estudos em simultâneo	✓	✓	✓
Percorrer as imagens	✓	✓	✓
Abrir séries a partir do menu de contexto	✓	✓	✓
Colocação personalizada consoante a modalidade de estudo	✓	✓	
Preenchimento automático de janelas com séries de estudos	✓	✓	
Construção de projeções ortogonais	✓	✓	
Combinação de séries numa série multifásica	✓	✓	
Classificação de imagens	✓	✓	✓
Sincronização de dados	✓	✓	✓
Sincronização de Janela/Nível para imagens	✓	✓	✓
Sincronização de movimento e escalonamento para imagens	✓	✓	✓
Sincronização da mudança de imagem	✓	✓	✓
Modos de sincronização (sincronização automática e manual)	✓	✓	✓
Cursor 3D	✓	✓	✓
Visualizar projeções de fatias	✓	✓	✓
Sincronização de abas MPR em diferentes monitores	✓	✓	
MPR	✓	✓	✓
Visualização de secções transversais nos planos axial, frontal e sagital	✓	✓	✓

Características e ferramentas do DICOM Viewer	Lite	Pro	Web
Rotação dos planos	✓	✓	✓
Modos MPR (Average, MIP, MinIP)	✓	✓	✓
Ajuste da espessura do corte	✓	✓	✓
Exibição de planos secantes no modelo 3D	✓	✓	
Personalização da localização da janela		✓	
Exportar secções de qualquer um dos planos com passo arbitrário para uma série		✓	
Fundir com base na diferenciação de cores e contraste de séries		✓	
Reconstrução curvilínea		✓	✓
Cortes de reconstrução curvilínea		✓	
Ferramentas básicas de edição do modelo de volume	✓	✓	✓
Cancelamento e reversão de alterações	✓	✓	✓
Recorte	✓	✓	✓
Recorte invertido	✓	✓	✓
Corte de objeto	✓	✓	
Corte de objeto invertido	✓	✓	
Ferramentas de anotação e de medição para o modelo volumétrico	✓	✓	✓
Medição linear	✓	✓	✓
Medição linear por partes	✓	✓	✓
Ângulo em 3D	✓	✓	✓
Seta	✓	✓	
Régua de superfície		✓	
Marcadores para MPR e reconstrução volumétrica	✓	✓	
Marcador de ponto	✓	✓	
Linha de marcador	✓	✓	
Linha de marcador poligonal	✓	✓	
Reconstrução volumétrica (3D)	✓	✓	✓
Projeção de intensidade máxima (MIP)	✓	✓	
Cubo de visibilidade	✓	✓	

Características e ferramentas do DICOM Viewer	Lite	Pro	Web
Mudança de vista de projeção	✓	✓	✓
Alternância de tipo de projeção (projeção paralela e projeção em perspectiva)	✓	✓	
Remoção de osso	✓	✓	
Remoção de uma mesa	✓	✓	✓
Centrar o modelo	✓	✓	
Ajuste da qualidade de visualização do modelo	✓	✓	
Ajuste da cor de fundo para modelos 3D	✓	✓	
Exportação de uma série de imagens com rotação do modelo para ficheiro gráfico (jpg, png)	✓	✓	
Exportar uma série de imagens com rotação do modelo para uma nova série de imagens DICOM	✓	✓	
Seleção da orientação anatômica padrão	✓	✓	✓
Exibição e configuração dos ângulos de rotação do modelo 3D		✓	
Remoção de osso com recurso a séries nativas		✓	
Segmentação		✓	
Visualização da máscara de edição e dos seus limites		✓	
Cancelamento e reversão de alterações		✓	
Corte		✓	
Corte invertido		✓	
Cortar objeto		✓	
Recorte invertido de um objeto		✓	
Corte com pincel		✓	
Extensão com pincel		✓	
Operação de abertura com pincel		✓	
Operação de fechamento com pincel		✓	
Segmentação de um ponto por máscara		✓	
Crescimento da região		✓	
Segmentação de uma árvore de vasos		✓	
Segmentação pelo método watershed		✓	

Características e ferramentas do DICOM Viewer	Lite	Pro	Web
Crescimento da região de estruturas segmentadas		✓	
Segmentação com contornos		✓	
Operações booleanas em estruturas		✓	
Extensão/redução		✓	
Remover ruído (abertura)		✓	
Remover furos (fechamento)		✓	
Enchimento		✓	
Remoção do volume invisível		✓	
Construção de superfícies por máscara		✓	
Exportação de superfícies (PLY, OBJ, STL, GLB)		✓	
Importação de superfícies (PLY, OBJ, STL)		✓	
Combinacao de séries		✓	
«Costura»		✓	
«Costura» de volumes com diferentes modalidades/faixas de intensidade		✓	
Exportação de volumes de «costura»		✓	
Combinação de séries de um estudo		✓	
Combinação de séries de estudos diferentes		✓	
Subtração de imagens		✓	
Correspondência de camadas por ponto		✓	
Correspondência automática de camadas		✓	
Correspondência manual de camadas		✓	
Registo de imagens		✓	
Gravação do estudo em CD/DVD	✓	✓	
Gravação de um estudo em CD/DVD	✓	✓	
Gravação de um estudo num dispositivo de memória USB	✓	✓	
Gravação de vários estudos	✓	✓	
Programa para visualização de estudos gravados em disco ou cartão flash	✓	✓	
Impressão	✓	✓	

Características e ferramentas do DICOM Viewer	Lite	Pro	Web
Impressão em papel	✓	✓	
Impressão numa impressora DICOM	✓	✓	
Disposição arbitrária de imagens na página	✓	✓	
Modelos de disposição de imagens na página	✓	✓	
Inserir imagem no cabeçalho e no rodapé	✓	✓	
Alterar várias imagens de forma síncrona	✓	✓	
Adicionar imagens de referência	✓	✓	
Exportar páginas de impressão para o servidor PACS	✓	✓	
Endoscopia virtual		✓	
Navegação manual no interior da cavidade		✓	
Sincronização automática com reconstrução multiplanar		✓	
Linha central		✓	
Voo da câmara		✓	
Planificação da cavidade		✓	
Construção de superfícies de cavidades		✓	
Registo de vídeo		✓	
Criação de protocolos		✓	✓
Formatação e edição de texto		✓	✓
Criação e edição de tabelas		✓	✓
Inserção de imagens a partir da área de transferência		✓	✓
Criação de modelos de protocolos		✓	✓
Substituição automática de valores de tags das séries do estudo		✓	
Exportação do protocolo para ficheiro PDF		✓	
Exportação do protocolo para a série DICOM DOC		✓	✓
Visualizar ECG	✓	✓	✓
Apresentação de gráficos	✓	✓	✓
Medição de comprimentos de intervalos e valores em gráficos	✓	✓	✓
Aplicar filtros		✓	✓
Exportação de gráficos para uma nova série DICOM		✓	✓

«Web» — O Inobitec Web DICOM Viewer é um produto separado, cujas funcionalidades são comparáveis à versão de desktop do DICOM Viewer. Com informações mais detalhadas pode-se conhecer nas seções **«Produtos»** e **«Downloads»**.

Módulos complementares que são ativados na versão «Pro» mediante pagamento à parte:

Título	Oportunidades e ferramentas
Análise de vasos	Remoção de ossos Visualização das secções Traçar a linha central Limites dos vasos Editar os limites dos vasos Lúmen Diâmetros curto e longo Percentagem de estenose Exportar a superfície do vaso
Análise das artérias coronárias	Visualização das secções Traçar a linha central Limites dos vasos Editar os limites dos vasos Lúmen Diâmetros curto e longo Percentagem de estenose Exportar a superfície do vaso
Análise PET	Combinação de séries de PT e CT Medição da intensidade de contraste acumulado nos tecidos (SUV) Esfera VOI Personalização dos padrões de disposição de janelas
Segmentação avançada	Os resultados da segmentação são guardados no formato spj Gravação automática Exportação e importação de marcadores
Marcação de imagens	Classes de objetos Combinação de classes em grupos Marcação com contornos Guardar resultados de marcação Exportação de resultados de marcação com dados DICOM

Análise cardíaca	Contorno manual para os ventrículos esquerdo e direito Contorno automático para o ventrículo esquerdo Ventrículo Cálculo dos parâmetros básicos do ventrículo esquerdo e direito (EDV, ESV, SV, EF, CO, CI e massa do miocárdio) Gráficos de volume Construção de mapa T1
Avaliação dos parâmetros de perfusão	Suporte para estudos de CT e MRT Resultados da estimativa dos parâmetros de perfusão sob a forma de mapas CBV, CBF, MTT, Tmax
Análise de Imagem por Tensor de Difusão (DTI)	Visualização do tensor de difusão (DTI) Mapas escalares FA, MD, AD, RD

Novas funções na versão 2.19

Funcionalidade	Disponível na edição	
	Lite	Pro
Suporte à licença OEM/White Label	✓	✓
Configuração da exibição da janela de boas-vindas	✓	✓
Ferramenta para medição das distâncias TT-TG		✓
Exibição e configuração dos ângulos de rotação do modelo 3D		✓
Suporte a métodos adicionais de cálculo do intervalo entre fases para perfusão por CT		+

✓ — funcionalidade disponível na versão correspondente
+ — Funcionalidade disponível em módulo complementar à versão «Pro»

Instalação, desinstalação e lançamento programas

Exigências de sistema

DICOM Viewer, na edição «Pro», não está disponível para sistemas operacionais de 32 bits.

Exigências mínimas de sistema

Um dos sistemas operacionais:

- Windows 7 32-bit;
- macOS versão 10.13;
- Ubuntu versão 18.04 ou mais recente;

RAM: 2 GB;
quantidade de espaço livre em disco: 300 MB;
CPU: 1,5 GHz;
placa de vídeo: sem suporte a dispositivo de aceleração;
teclado: padrão;
mouse: de dois botões com roda central;
monitor: resolução 1024x768;
placa de rede.

Configurações de sistema recomendadas

Um dos sistemas operacionais:

- Windows 7 64-bit ou mais recente;
- macOS versão 10.15 ou mais recente;
- Ubuntu versão 18.04 ou mais recente;

RAM: 16 GB (para reprodução completa 3D, 4D);
quantidade de espaço livre em disco: 500 MB;
CPU: 3 GHz (a partir de 4 núcleos);
placa de vídeo: Geforce GTX série 700 ou mais com volume de memória de vídeo a partir de 4GB (com suporte a tecnologia CUDA). Para alcançar uma produção ótima ao trabalhar com as funções de segmentação, recomendamos utilizar uma placa de vídeo Geforce GTX 1070 ou melhor com volume de memória de vídeo a partir de 8GB (com suporte a tecnologia CUDA);;
teclado: padrão;;
mouse: de dois botões com roda central;
monitor: 2 unidades, resolução HD 1920x1080;
placa de rede.

Os dispositivos de visualização baseados em CUDA não são compatíveis com sistemas operativos de 32 bits nem com o macOS.

Instalação, desinstalar e executar do programa nos sistemas operativos da família Windows

Instalação do programa utilizando o instalador

Para instalar o programa, realize as seguintes operações:

1. Abra o arquivo do instalador, clicando duas vezes sobre ele.

2. Na janela, mostrada na Fig. 1, clique em **«CONTINUE»**.

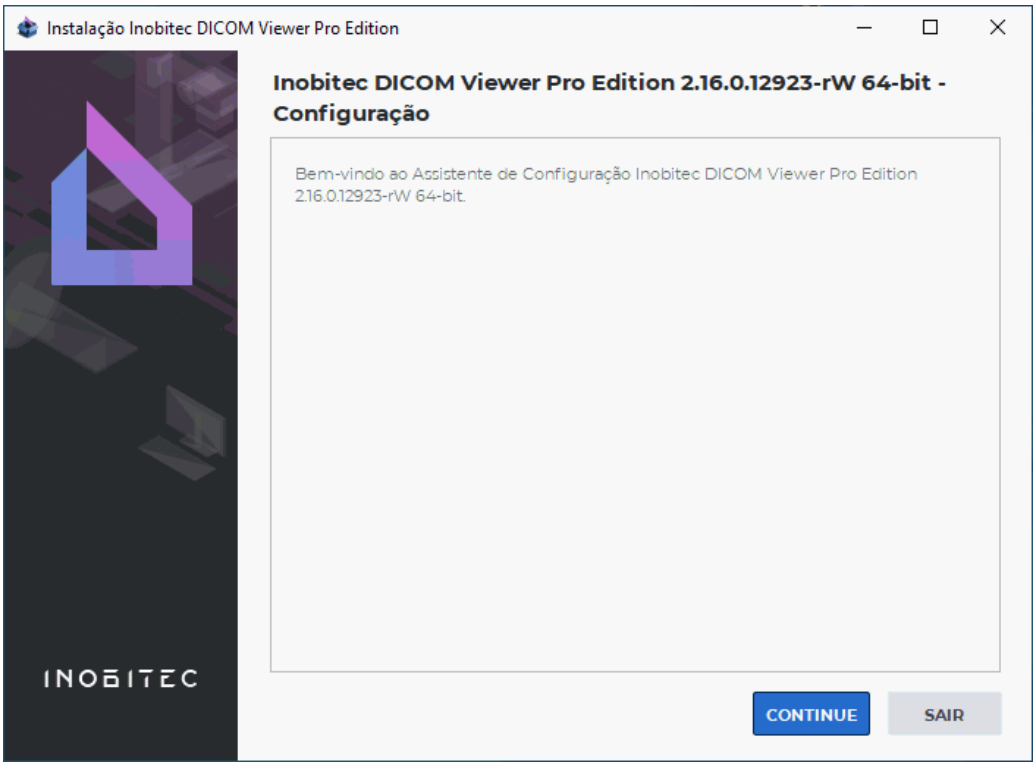


Figure 1: Início da instalação do programa

3. Para evitar erros ao trabalhar com o DICOM Viewer, deve-se atualizar os drivers da placa de vídeo interna e da placa de vídeo dedicada até a versão atual a partir do site do fabricante do equipamento. Se você tiver certeza de que os drivers estão atualizados, marque a opção **«Os drivers deste dispositivo foram atualizados.»** na janela mostrada na Fig. 2, e clique em **«CONTINUE»**. Ou então interrompa a instalação (clique em **«CANCELAR»** e no diálogo de confirmação de saída do instalador, clique em **«Sim»**) e atualize os drivers. Para voltar ao passo anterior da instalação, clique no botão **«GO BACK»**.

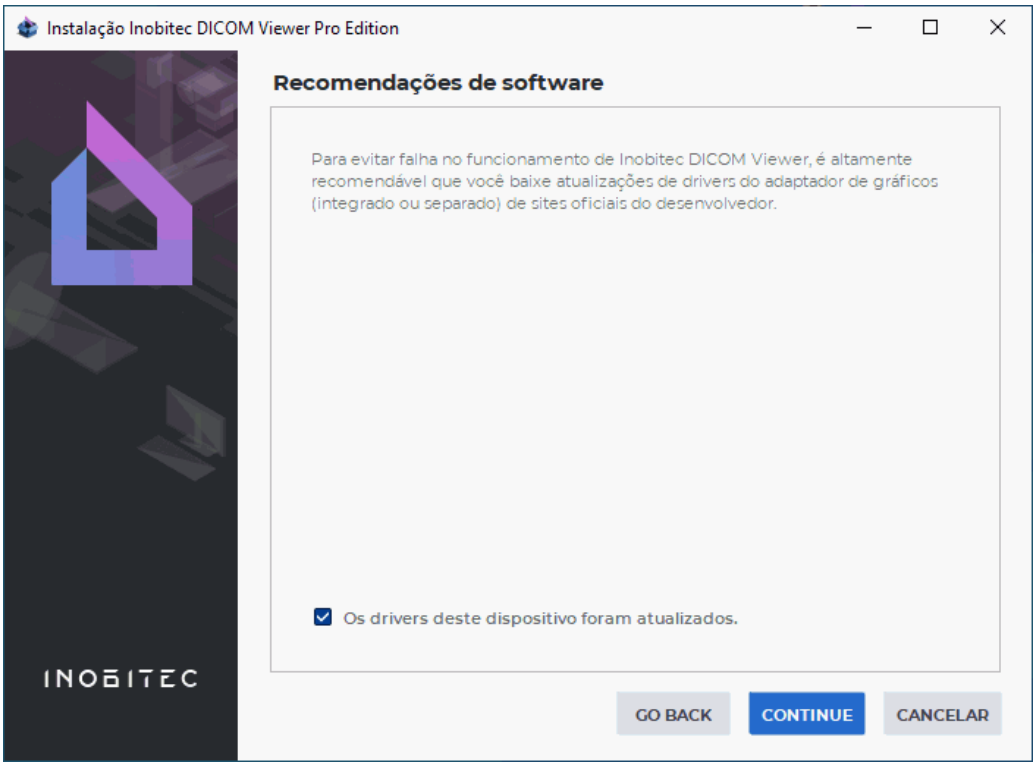


Figure 2: Recomendações para o programa

4. Leia com atenção o acordo de licença. O seu texto também está disponível pelo link **https://inobitec.com/por/about/viewerLic/**. Se você aceitar as condições do acordo de licença, marque a opção **«Eu aceito os termos do contrato de licença»** e clique em **«CONTINUE»** (Fig. 3). Ou então clique em **«CANCELAR»** e no diálogo de confirmação de saída do instalador, clique em **«Sim»**. Para voltar ao passo anterior da instalação, clique no botão **«GO BACK»**.

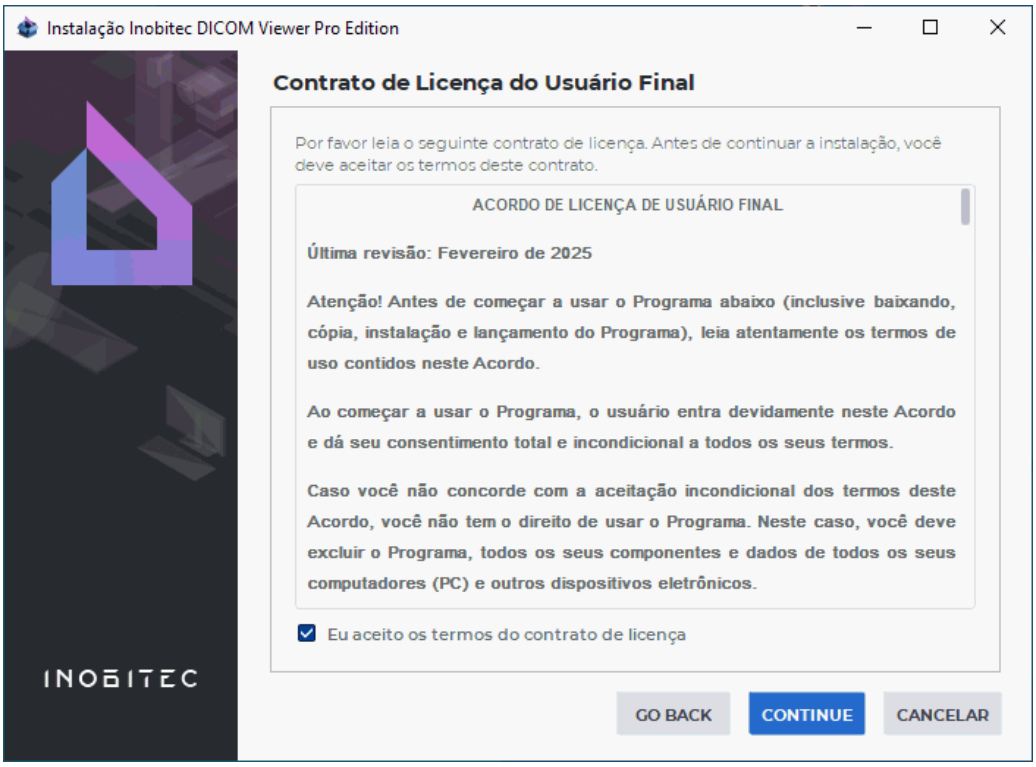


Figure 3: Acordo de licenciamento

5. Selecione para quais usuários instalar o produto (Fig. 4). Se for selecionada a opção **«Qualquer pessoa que use este computador (todos os usuários)»**, a instalação é realizada na pasta do sistema e exige direitos administrativos. Clique em **«CONTINUE»**.

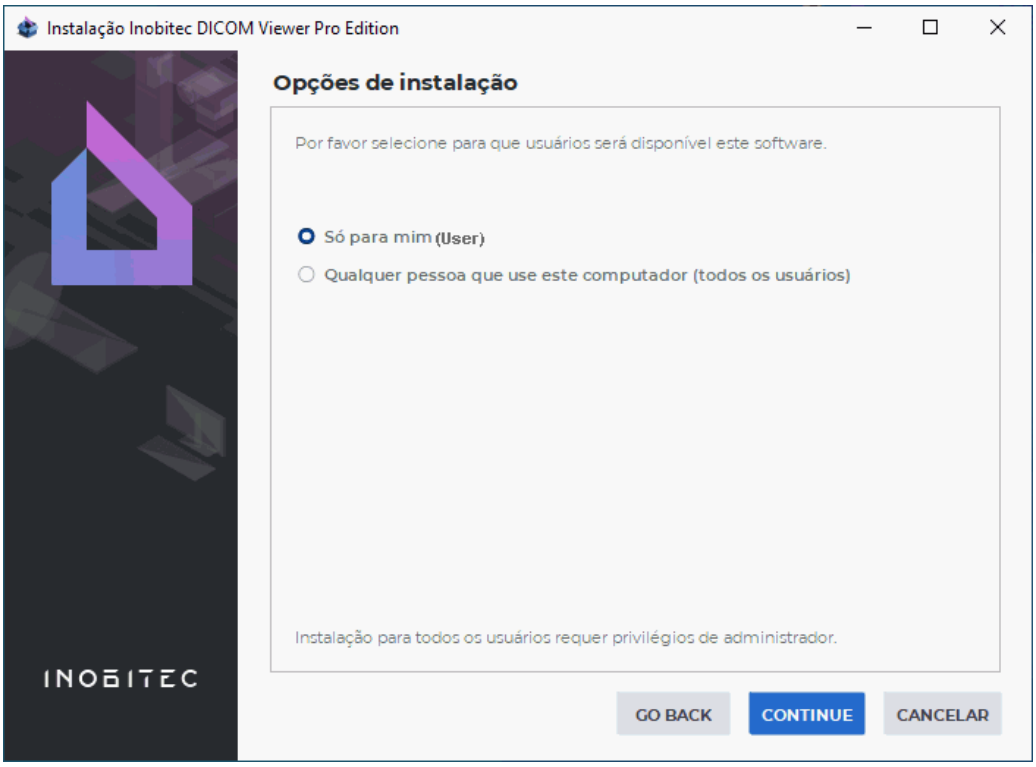


Figure 4: Seleção de usuários

6. Se necessário, altere o catálogo de instalação do programa (Fig. 5). É recomendado deixar o valor por padrão. Clique em **«CONTINUE»**. Para voltar ao passo anterior da instalação, clique no botão **«GO BACK»**.

Atenção!

- **não indique um caminho que contenha apenas a raiz do disco (por exemplo, D:\);**
- **não indique pastas criadas por outros usuários ou outros programas;**
- **na instalação para todos os usuários, indique uma pasta à qual todos tenham acesso.**

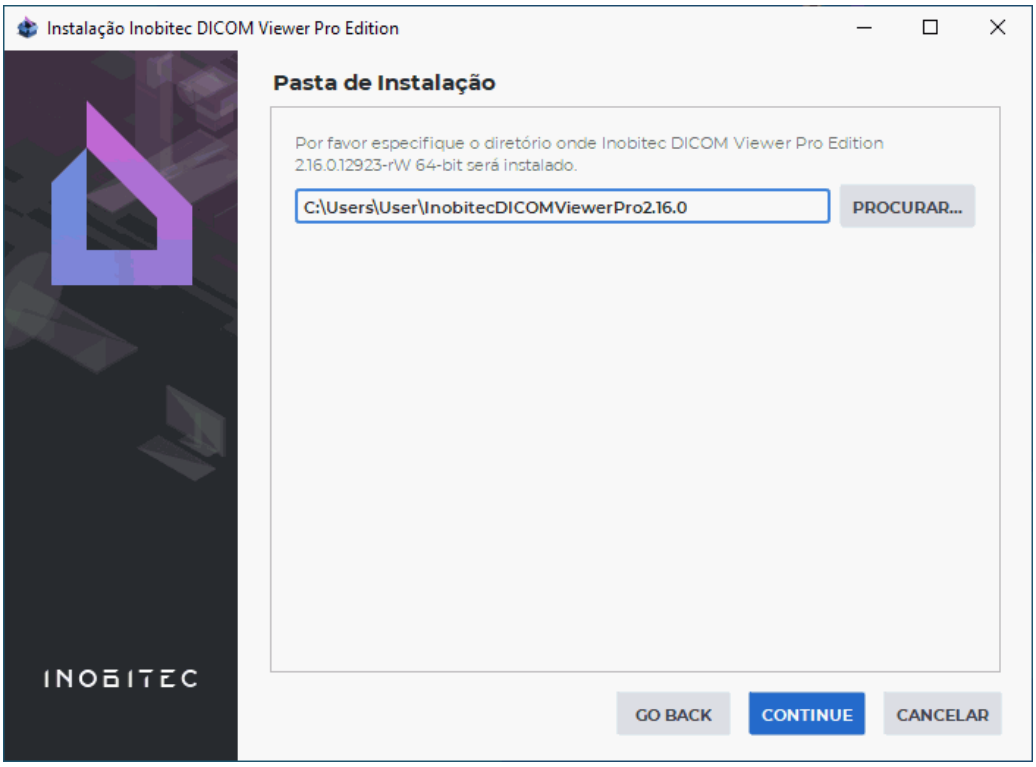


Figure 5: Catálogo de instalação do programa

7. Se na pasta para a instalação já estiver instalado o programa, aparecerá o diálogo **«O diretório selecionado já existe e contém o software instalado. Para instalar o produto o software será desinstalado. Deseja continuar?»**.

   Para permitir a desinstalação, clique em **«Sim»**. Será iniciado o programa de desinstalação (descrito na Seção **«Desinstalação do programa no sistema operacional da família Windows»**). Depois da desinstalação, a instalação continuará.

   Para deixar a versão instalada do programa e selecionar uma nova pasta para a instalação, clique em **«Não»** e na janela mostrada na Fig. 5, indique outra pasta.

8. Se a opção de instalação selecionada foi para todos os usuários, deve-se indicar uma pasta comum para o salvamento das informações do serviço do programa (Fig. 6). Se necessário, altere a pasta comum. Recomenda-se deixar o valor por padrão. Clique em **«CONTINUE»**.

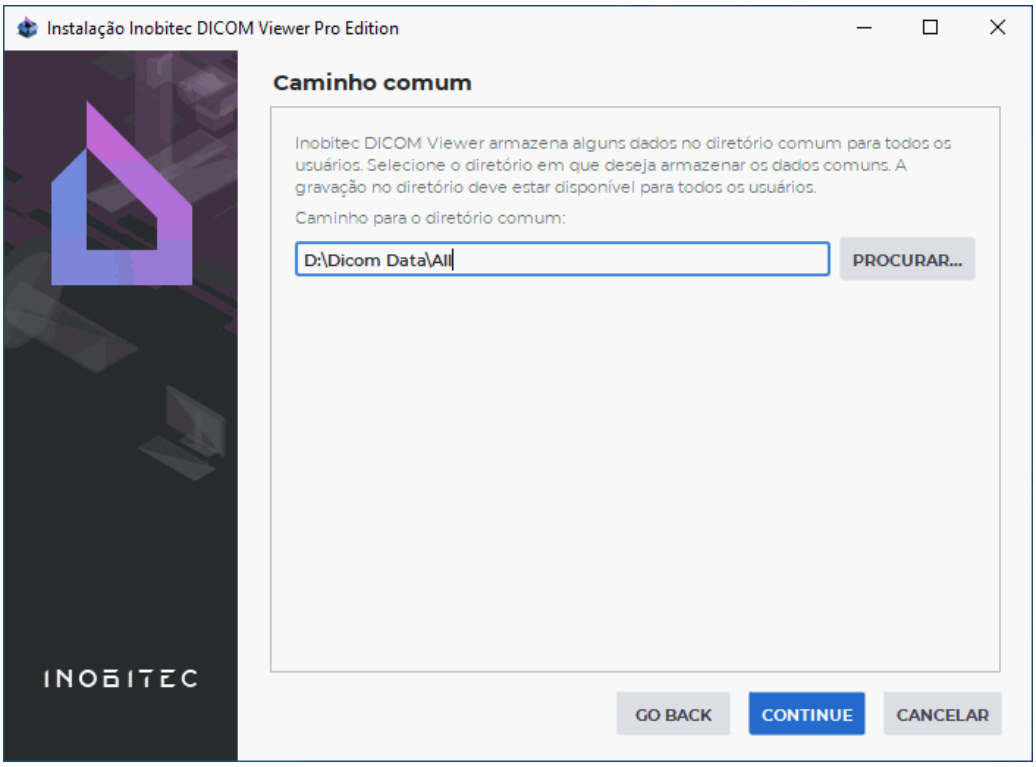


Figure 6: Pasta comum para as informações de serviço

9. Se pretender integrar o DICOM Viewer em sistemas de terceiros, ative o seguinte: O programa deve ser lançado através de comandos URL, devendo o flag **«Registre o esquema «inobitec» para iniciar um visualizador com parâmetros do navegador»** ser definido em **«Parâmetros estendidos»** (Fig. 7). Por predefinição, esta opção não está selecionada. Para mais informações sobre o lançamento do programa utilizando os comandos URL na Secção 20.2.

10. Para ativar o lançamento do DICOM Viewer e a abertura de estudos através do menu de contexto do explorador, defina o sinalizador **«Parâmetros estendidos»** (Fig. 7) defina a opção **«Iniciar o visualizador do menu de contexto do explorador»**. A bandeira está definida por defeito. Para mais informações sobre a abertura de explorações a partir do menu de contexto, consulte a Secção 1.5.4. Após a instalação do programa, esta opção é controlada na secção **«Comportamento»** da janela de definições do DICOM Viewer (na Secção 16.3).

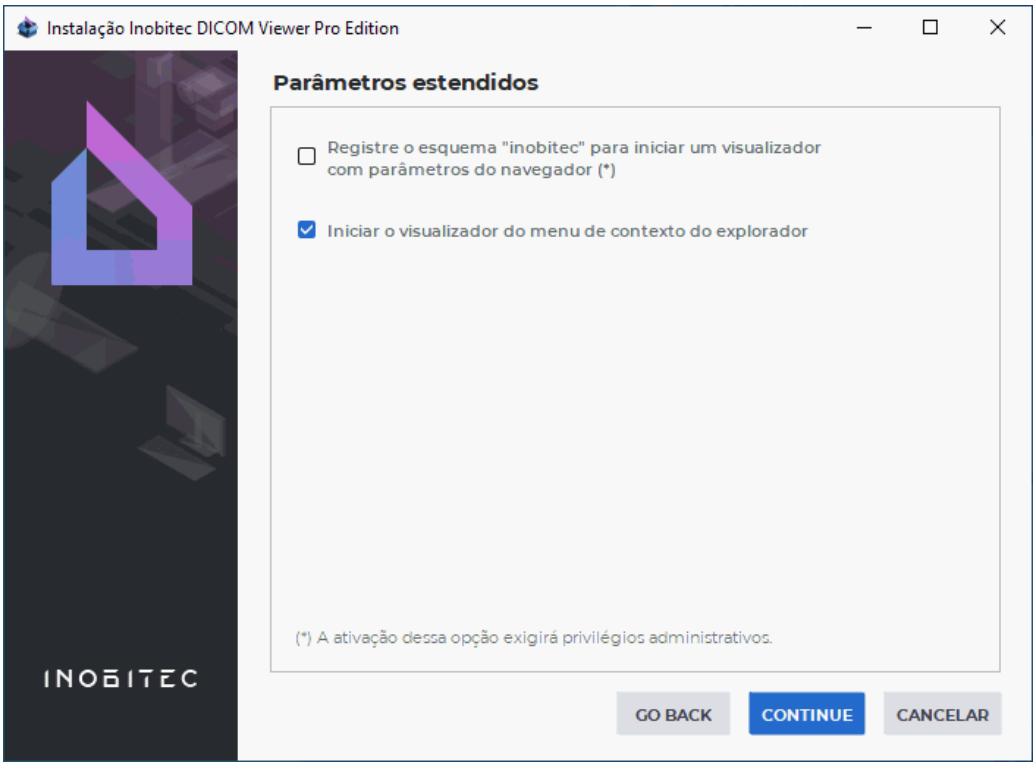


Figure 7: Janela **«Parâmetros estendidos»**

11. Na janela **«Selecionar Componentes»** (Fig. 8) selecione os componentes necessários, definindo o marcador para eles. Para expandir/ocultar as ramificações da árvore de componentes, clique no símbolo à esquerda do nome do grupo de componentes (destacados em vermelho e verde na Fig. 8):

    - grupo de componentes **«Documentação»**:
        - **«Slideshow tips»**: dicas animadas que aparecem;
        - **«Assistant (English)»**: guia do usuário embutido em inglês;
        - **«Assistant (Portuguese)»**: guia do usuário embutido em português;
        - **«User manual PDF (English)»**: manual do usuário em inglês no formato PDF;
        - **«User manual PDF (Portuguese)»**: manual do usuário em português no formato PDF;
    - grupo de componentes **«Languages»** contém a lista de idiomas disponíveis.

    Para obter mais informações sobre o componente, selecione-o com o mouse.

    Clique em **«CONTINUE»**.

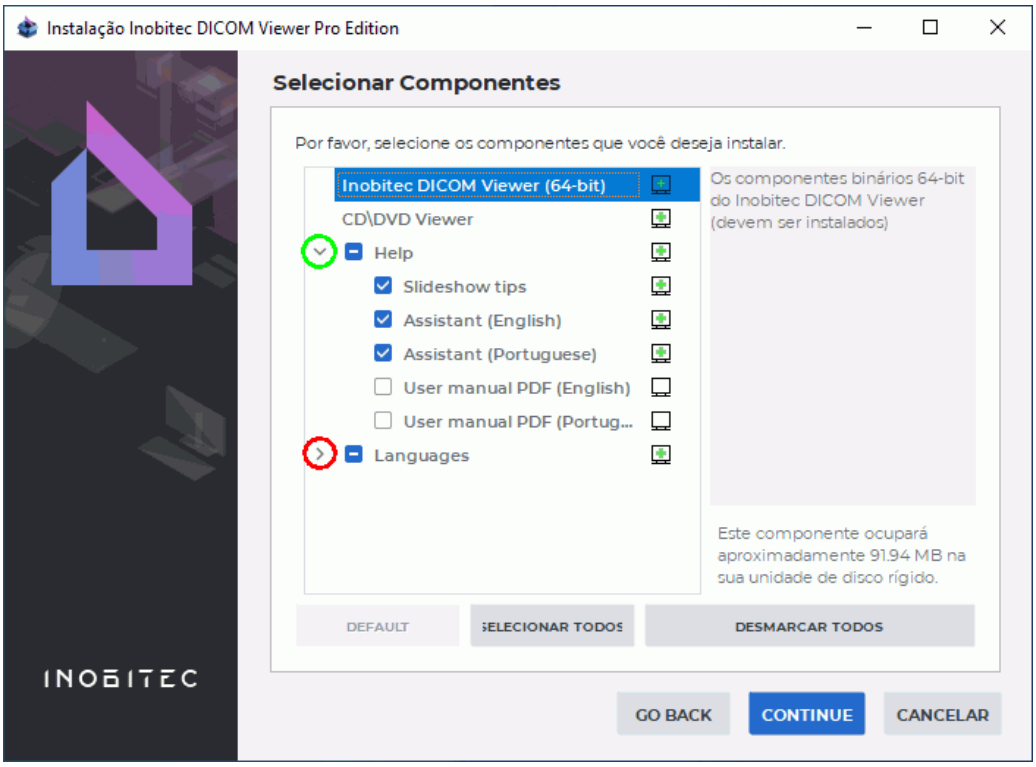


Figure 8: Janela de seleção de componentes para instalação

12. Se necessário, altere a pasta no menu ”Caminho” para a criação de rótulos para o programa (Fig. 9). Recomenda-se deixar o valor por padrão. Clique em **«CONTINUE»**.

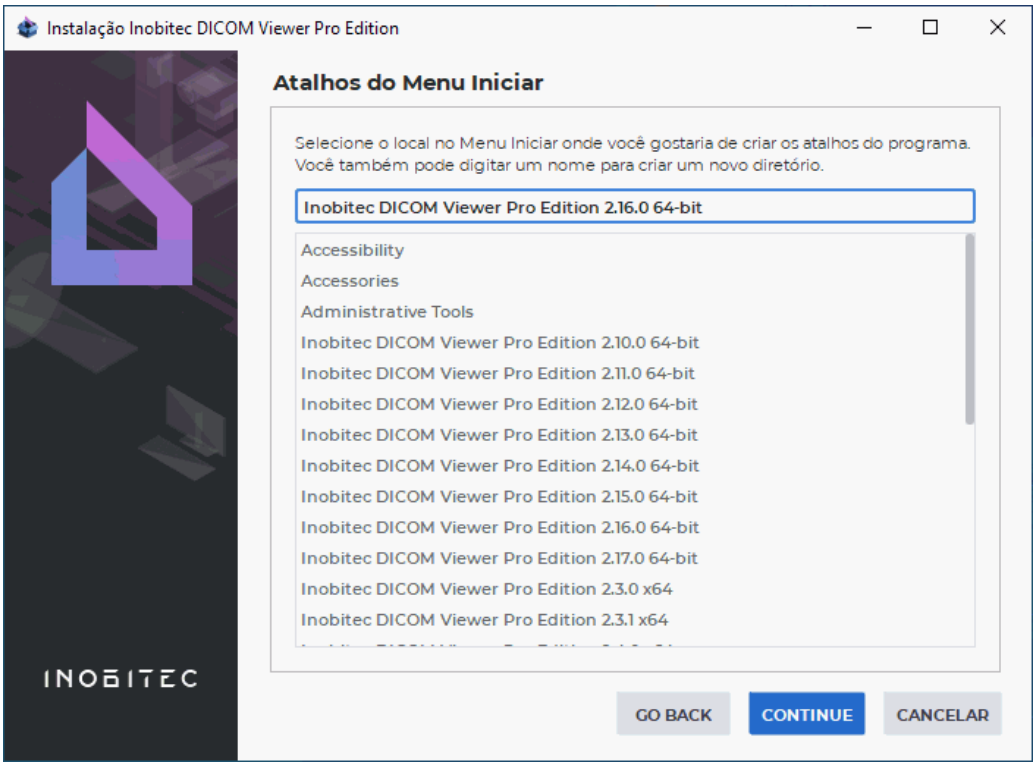


Figure 9: Pasta no menu "Lançamento" para a criação de rótulos

13. Na janela de confirmação, clique em **«INSTALAR»** (Fig. 10).

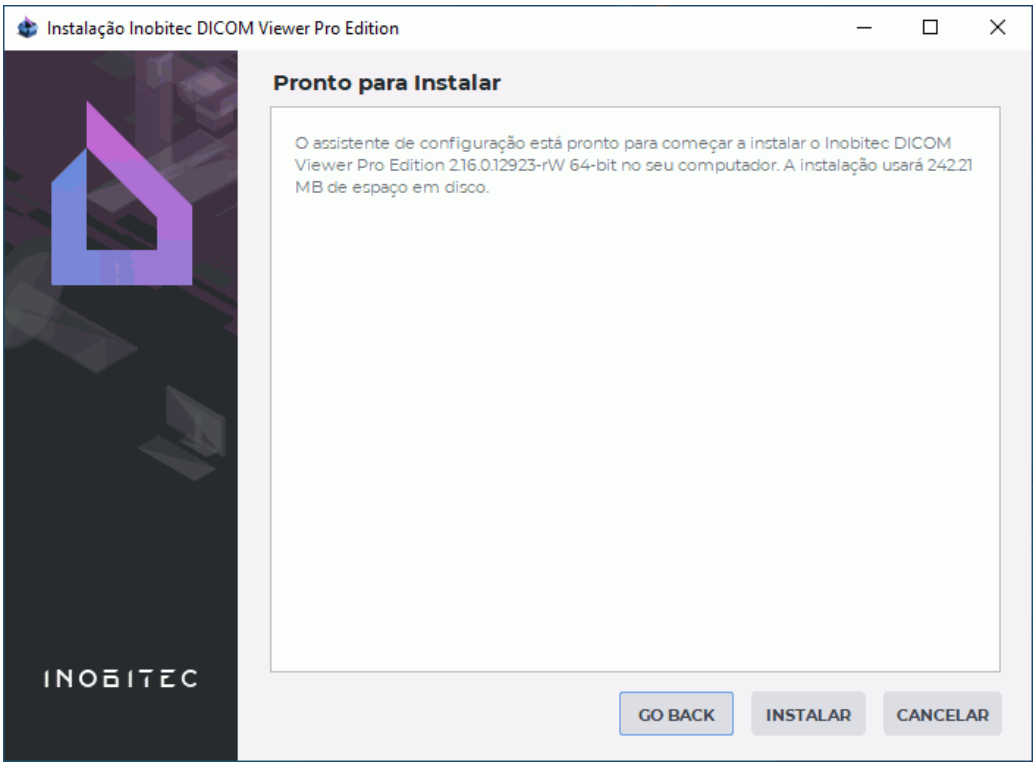


Figure 10: Confirmação da instalação

14. Aguarde o término do processo de instalação (Fig. 11). Clique em **«DONE»**.

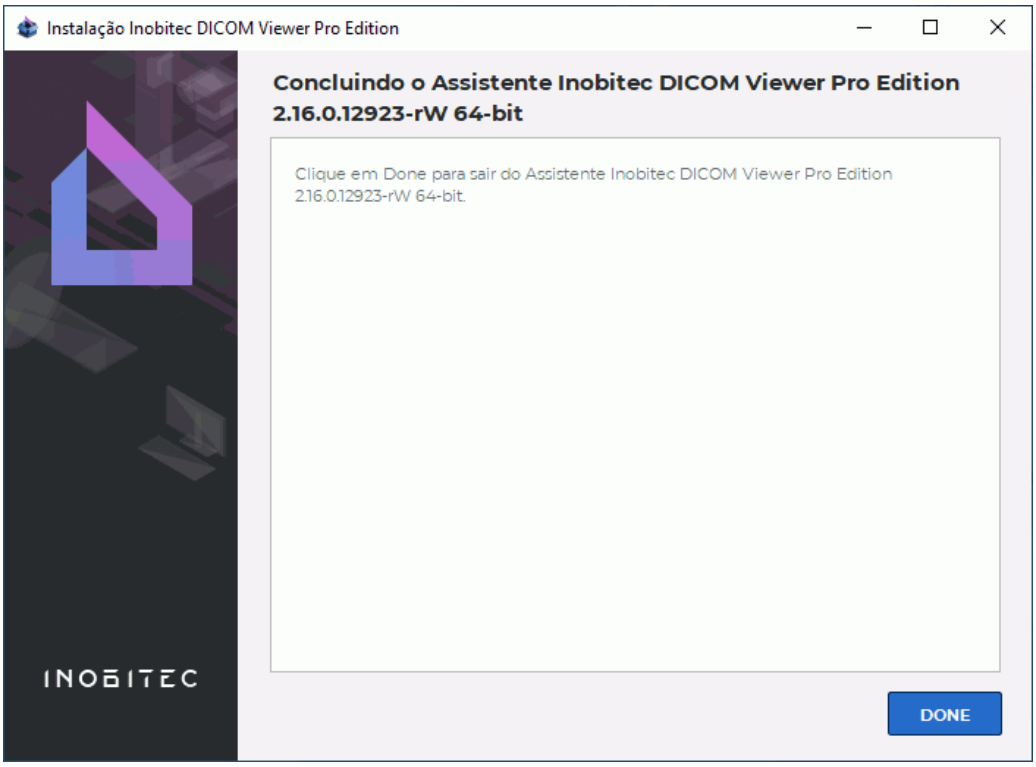


Figure 11: Conclusão da instalação

Instalação ”Silenciosa” de programa

A instalação ”Silenciosa” permite apressar e automatizar o processo de instalação do programa usando os parâmetros de instalação do instalador através do arquivo. Esse tipo de instalação pode ser feita automaticamente nos computadores do domínio com a ajuda do serviço Microsoft Active Directory.

Para preparar o instalador para a instalação ”Silenciosa”. realize os seguintes passos:

1. Extraia o instalador para a pasta com a ajuda de um programa empacotador (por exemplo, o 7-zip).
2. Vá para a pasta para a qual o instalador foi extraído.
3. Edite no arquivo **autoinstall.qs** os seguintes valores:
   (a) **AllUsers = false** para a instalação apenas para o usuário atual **AllUsers = true** para todos os usuários;
   (b) **TargetPathName**: caminho para a pasta na qual se deve instalar o DICOM Viewer. Se *AllUsers = true*, então por padrão é utilizado o caminho *C:\Program Files\InobitecDICOMViewer<Edition><Version>*, se *AllUsers = false*, então o caminho é *C:\Users\<CurrentUserName>\InobitecDICOMViewer<Edition><Version>*. Se necessário, indique outro valor.
   (c) **CommonPath**: pasta para armazenamento de dados comuns. É usada apenas se *AllUsers = true*. O valor por padrão é

C:\ProgramData\InobitecDICOMViewer<Edition><Version>.Se necessário indique outro valor. Todos os usuários devem ter direitos para escrever na pasta indicada.

(d) **LocalStoragePath**: pasta do repositório local. O valor por padrão é *C:\Users\<username>\InobitecDICOMViewerWorkspace*.

(e) **OptionsFilePath**: arquivo com configurações exportadas do programa já instalado. A exportação das configurações é descrita na Seção 16.9. Se o arquivo não for indicado, usam-se as configurações padrão.

(f) **ForceInstall = false**, para apagar a versão anterior do DICOM Viewer na pasta selecionada para a instalação.

Se forem usados símbolos nacionais, salve o arquivo **autoinstall.qs** com a codificação utf-8.

Para a instalação do programa, execute o script *silent_install.bat*. O log é salvo no arquivo *%temp%\install%DATE%.log*, onde *%temp%* e *%DATE%* são variáveis do sistema Windows.

Desinstalação o programa com o desinstalador

Para desinstalar o DICOM Viewer, realize as seguintes ações:

1. Execute o programa de desinstalação de uma das maneiras:

   - selecione o item **«Inobitec Dicom Viewer»** -> **«Desinstalação do produto»** no menu **«Iníciar»**;
   - utilize o dispositivo embutido para a instalação e a desinstalação de programas do Windows.

2. Certifique-se de que na janela mostrada na Fig. 12, esteja selecionado o item **«Remover todos os componentes»**, e clique em **«CONTINUE»**.

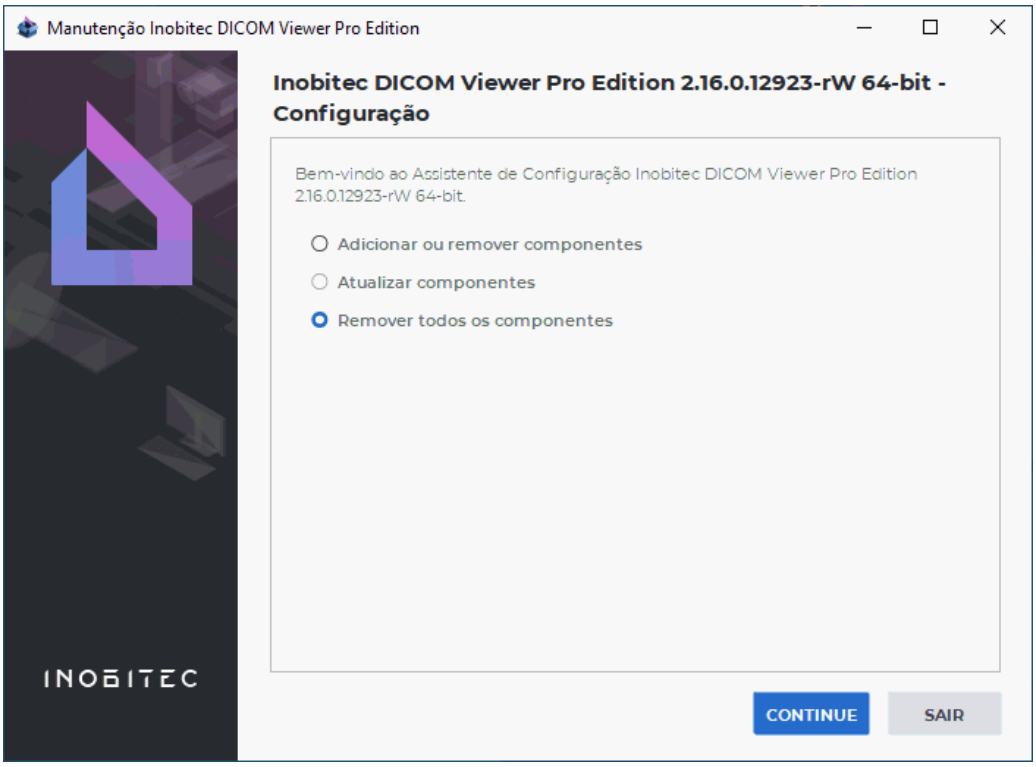


Figure 12: Desinstalação do programa

3. Na janela de confirmação de desinstalação (Fig. 13) clique em **«DESINSTALAR»**.

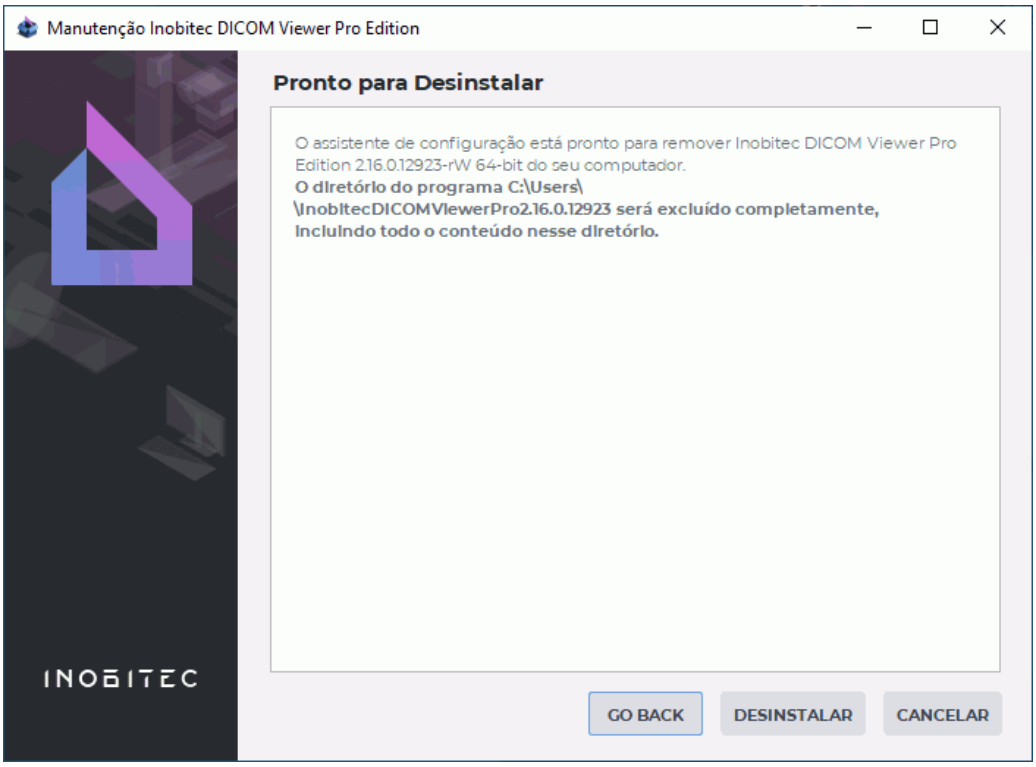


Figure 13: Confirmação de desinstalação

4. Na janela de conclusão de desinstalação (Fig. 14) clique em **«DONE»**.

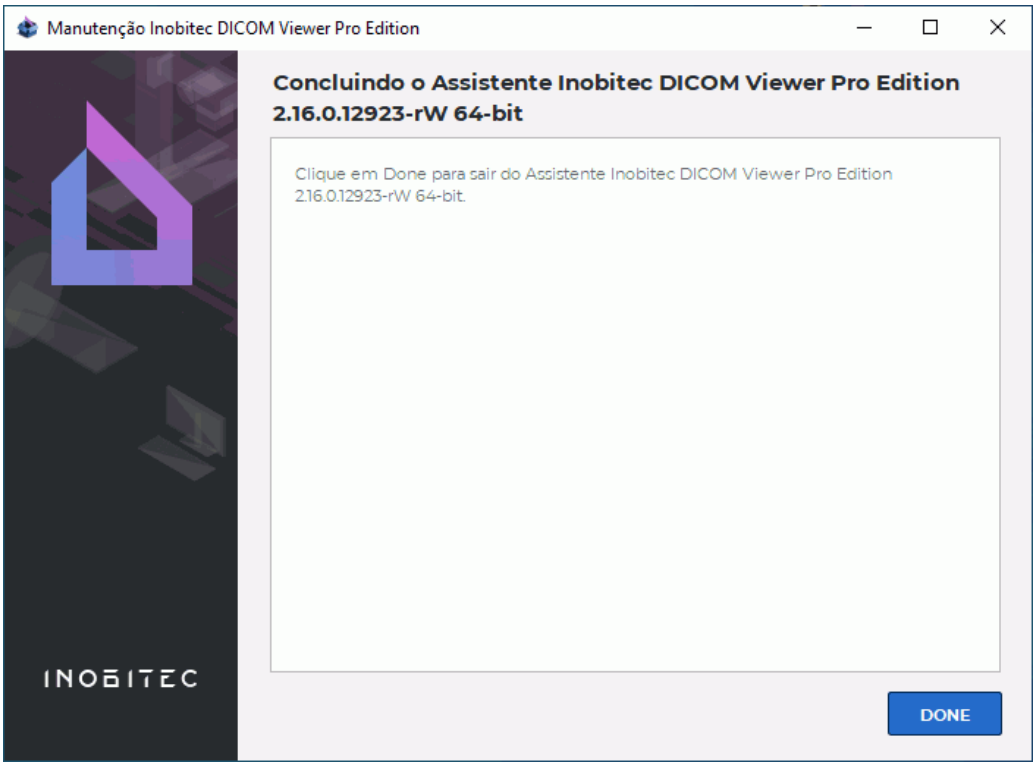


Figure 14: Conclusão da desinstalação

Desinstalação ”Silenciosa” de um programa

A desinstalação ”Silenciosa” permite automatizar a desinstalação do programa de forma semelhante à instalação ”silenciosa”.

A desinstalação ”Silenciosa” permite automatizar a desinstalação do programa de forma semelhante à instalação ”silenciosa”.

1. Desempacote o instalador para a pasta com a ajuda do programa de empacotamento (por exemplo, o 7-zip).

2. Vá para a pasta para a qual foi desempacotado o instalador.

3. Substitua nos dois locais no arquivo **silent_uninstall.bat** o texto *<Disk:\Full\Path\To\Installed\DICOMViewer\You\Want\To\Uninstall>* pelo caminho para a pasta na qual está instalado o DICOM Viewer que deve ser desinstalado.

Para desinstalar o programa, execute o script *silent_uninstall.bat*. O log é escrito no arquivo *%temp%\uninstall%DATE%.log*, onde *%temp%* e *%DATE%* são variáveis do sistema Windows.

Executar o programa

A partir da versão 2.6, o atalho do DICOM Viewer nos sistemas operacionais da família Windows é mostrado no formato: **<Inobitec><Redação><Versão>**.

A redação pode assumir os seguintes valores:

- **PRO** — profissional;
- **LITE** — simples.

Por exemplo, *Inobitec PRO 2.6.0*.

Se no computador com o sistema operacional da família Windows estiverem instaladas várias edições ou versões do programa, então para cada edição e versão é criado o seu próprio ícone na área de trabalho e no menu ”Iniciar”, para garantir a comodidade do lançamento. Atente para que por padrão, todos os DICOM Viewer utilizam a mesma pasta local de dados.

Para lançar o programa com a ajuda do atalho na área de trabalho, clique duas vezes com o mouse no atalho. Para lançar o programa com a ajuda do atalho a partir do menu ”Iniciar”, clique no ícone uma vez.

No Windows, o DICOM Viewer pode ser aberto arrastando a pasta com os dados para o ícone do aplicativo. As análises contidas na pasta se abrem numa nova aba **«Dados DICOM na pasta»**, e a primeira série da primeira análise na lista se abre dependendo do tipo dos dados:

- na aba de visualização de imagens planas;
- na aba de visualização EKG;
- no programa de visualização de arquivos PDF por padrão (se estiver instalado no sistema);
- na aba de visualização dos marcadores DICOM, se a abertura não for possível em nenhuma dessas abas (programas).

Se o DICOM Viewer já estiver aberto, os dados se abrem em outro. Se na pasta não estiverem presentes os dados para exibição, então se abre uma aba vazia **«Dados DICOM na pasta»**.

As informações sobre a execução do DICOM Viewer com programas e pacotes de software de terceiros estão descritas no Capítulo 20.

Instalação, desinstalar e executar do programa nos sistemas operativos da família macOS

Instalação do programa

Para instalar o programa, desempacote o arquivo dmg e mova **DICOMViewer.app** para a pasta **Applications**. Um ícone é exibido no ficheiro enquanto está a ser arrastado . Solte o botão do rato e aguarde que a instalação esteja concluída.

Desinstalação o programa

Para remover o programa, remova **DICOMViewer.app** da pasta **Applications**.

Executar o programa

Para iniciar o DICOM Viewer, vá à pasta **«Applications»** e clique no ícone do ficheiro **«DICOMViewer.app»**.

No macOS, o DICOM Viewer pode ser aberto arrastando a pasta com os dados para o ícone do aplicativo. As análises contidas na pasta se abrem numa nova aba **«Dados DICOM na pasta»**, e a primeira série da primeira análise na lista se abre dependendo do tipo dos dados:

- na aba de visualização de imagens planas;
- na aba de visualização EKG;
- no programa de visualização de arquivos PDF por padrão (se estiver instalado no sistema);
- na aba de visualização dos marcadores DICOM, se a abertura não for possível em nenhuma dessas abas (programas).

Se o DICOM Viewer já estiver aberto, os dados se abrem em outro. Se na pasta não estiverem presentes os dados para exibição, então se abre uma aba vazia **«Dados DICOM na pasta»**.

As informações sobre a execução do DICOM Viewer com programas e pacotes de software de terceiros estão descritas no Capítulo 20.

Instalação, desinstalar e executar do programa nos sistemas operativos da família Linux

Executar do programa no formato AppImage

O programa Inobitec DICOM Viewer para o sistema operacional Linux no formato **AppImage** composto por um arquivo desse tipo: **<InobitecDICOMViewer><Bitness><Edition><Version>** com a extensão **AppImage**. No arquivo se encontra o programa e todas as bibliotecas necessárias para o seu funcionamento.
Por exemplo, *InobitecDICOMViewer-linux-64-bit-pro-2.7.0.AppImage*.

Para instalar e lançar o programa no formato AppImage, realize (no exemplo, Ubuntu):

1. Recomenda-se mover o arquivo baixado do programa Inobitec DICOM Viewer no formato AppImage do diretório *Downloads* para o diretório necessário.
2. Forneça ao arquivo do programa no formato AppImage a permissão para execução. Para isso, coloque o cursor do mouse sobre o arquivo, clique com o botão direito do mouse, e no menu de contexto, selecione o comando **«Propriedades»**. No menu **«Propriedades»** (Fig. 15) vá para a aba **«Permissões»** e marque a opção **«Permitir execução do arquivo como um programa»**. Abra o menu **«Propriedades»**.
3. Para executar o arquivo do programa, clique duas vezes nele com o botão esquerdo do mouse.

Figure 15: Menu **«Propriedades»**

Nos casos em que é necessário instalar o módulo FUSE para executar o AppImage

Os sistemas operacionais Linux usam o módulo **FUSE** (filesystem in userspace — sistema de arquivos no espaço do usuário) para trabalhar com arquivos no formato AppImage.

O Distribuidor do programa Inobitec DICOM Viewer para sistema operacional Linux no formato AppImage usa a funcionalidade **FUSE** versão 2.

Se o módulo **FUSE 2** não estiver instalado em seu sistema operacional, você mesmo precisará instalar e configurar o módulo **FUSE 2**. Instruções detalhadas para instalar e configurar o módulo **FUSE 2** com exemplos de comandos estão disponíveis em:
https://docs.appimage.org/user-guide/troubleshooting/fuse.html.
A disponibilidade de recursos não é garantida. Nesse caso, é recomendável encontrar você mesmo as informações sobre a instalação e configuração do módulo **FUSE 2** em seu sistema.

Desinstalação o programa

Para desinstalar o programa no formato AppImage, delete o arquivo do diretório.

Lançamento de vários exemplares do programa

Se o programa DICOM ViewerViewer já estiver a ser executado no computador, não será possível iniciar uma segunda instância. Se tentar lançar a segunda instância do programa, será ativada a janela do DICOM Viewer já iniciado. Se a segunda instância do programa for lançada com parâmetros da linha de comando, os parâmetros serão passados para o programa já em execução (ver secções 20.1 e 20.2).

Se o DICOM Viewer já tiver sido iniciado e minimizado para o tabuleiro do sistema,os parâmetros serão transferidos para o programa atual, independentemente da versão ou edição selecionada pelo utilizador (consulte a Secção 1.2).

Um programa lançado em nome de um utilizador não pode ser utilizado por outro utilizador. Neste caso, o utilizador atual deve forçar o encerramento do programa e, em seguida, reiniciar o programa. Para isso, ativar a opção **«Permitir fechar o aplicativo executado por outros usuários»** nas definições do programa (ver ponto 16.3).

Só é possível executar um programa de uma versão ou edição diferente após fechar o programa em execução.

Atente para que ao fechar, o programa pode não concluir o trabalho imediatamente, mesmo se a janela principal já estiver fechada (por exemplo se estiver sendo realizada a transferência de dados entre a rede ou ocorrendo a gravação no disco óptico ou no cartão de memória). Nesse caso, ao tentar lançar mais um exemplar, a janela principal não abre e para continuar o trabalho no programa, deve-se aguardar enquanto o primeiro exemplar conclui o trabalho e abrir o programa mais uma vez.

Arquivos de serviço do programa

Os arquivos de serviço são divididos nas seguintes pastas dependendo do sistema operacional:

Windows	C:\Users\<nome dousuário>\AppData\Local\Inobitec\<nome do produto>
Linux	~/.local/share/Inobitec/<nome do produto>
macOS	~/Library/Application Support/Inobitec/<nome do produto>

Os seguintes arquivos são relacionados aos serviços:

- arquivos do log (arquivos log) (encontram-se na subpasta «logs»);
- dumps de memória que são escritos em caso de conclusão com erros do programa (encontram-se na subpasta «Dumps»). Apenas para sistemas operacionais da família Windows;
- arquivos de configuração (encontram-se na subpasta «Configs»);
- ficheiro com tabelas de cores (localizado na subpasta «Configs»);
- arquivos do visualizador de imagens volumétricas (encontram-se na subpasta «OpenCL»).

Por exemplo, o usuário *Ivanov* possui arquivos do log do programa *Inobitec DICOM Viewer* edição *«Pro»* versão 1.9.1 no sistema operacional *Windows* que se encontram na pasta *C:\Users\Ivanov\AppData\Local\Inobitec\Inobitec DICOM Viewer Professional Edition 1.9.1\Logs*.

O caminho para o arquivo do log pode ser alterado nas configurações (Seção 16.1).

Início do trabalho com o programa

Para prevenir problemas ao trabalhar com o DICOM Viewer, deve-se realizar as seguintes ações antes de começar a trabalhar com ele:

1. Limitar o acesso ao computador com o programa instalado para evitar o vazamento de dados pessoais dos pacientes.

2. Se for necessário imprimir os frames na impressora DICOM, verificar o acesso da impressoa, realizando a impressão de teste.

3. Se necessário gravar dados em CD/DVD, verificar o funcionamento do driver de discos, realizando uma gravação de teste.

4. Se necessário, obter dados dos dispositivos no repositório local, verificar as configurações de conexão aos dispositivos, carregando dados de teste nele. Dependendo das configurações do dispositivo de diagnóstico, as análises podem abrir incorretamente (por exemplo, o dispositivo gravou incorretamente a largura e o nível da janela por padrão, nesse caso deve-se alterar manualmente as configurações de largura e nível da janela ao visualizar as imagens).

5. Certificar-se de que o sdados obtidos do dispositivo são adequados para a visualização nos modos necessários (por exemplo, possuem várias fases para a visualização no modo de subtração de angiografia Deduzida).

Antes dos procedimentos necessários para o trabalho sem interrupção do DICOM Viewer, deve-se realizar as seguintes ações:

1. Se houver uma fonte de alimentação estável do computador, verificar o seu funcionamento.

2. Verificar o acesso aos servidores DICOM, dependendo das tarefas realizadas, verificar a possibilidade de busca, carregamento e download dos dados.

3. Verificar a quantidade de espaço livre no disco no qual está localizado o repositório local, se necessário baixar as pesquisas para ele.

Primeiro lançamento do programa

Na primeira inicialização do DICOM Viewer após a instalação, a janela de boas-vindas é exibida (Fig. 16). A janela de boas-vindas também pode ser exibida na primeira inicialização do programa após sua atualização. Para ativar essa função, nas configurações do programa, selecione a opção **«Mostrar o painel de boas-vindas após a atualização»** (consulte a Seção 16.3).

Na janela de saudação ocorre a individualização do DICOM Viewer.

Figure 16: Janela de saudação

Na janela de saudação são mostradas as seguintes informações:

- link **«Mais»**. No link está disponível a página de carregamentos do Inobitec DICOM Viewer;
- link **«Documentação»**. O link leva para o sistema de ajuda do DICOM Viewer. Se o sistema de ajuda para a língua atual não estiver instalado, então é mostrada a janela de diálogo com o aviso e o link para o manual intelectual.

Para pular a inicialização do DICOM Viewer, pressione a tecla **Esc** no teclado. No diálogo de confirmação, cancelar a inicialização e iniciar (Fig. 17) clique no botão **«YES»**. Para cancelar a inicialização e o cancelamento da partida DICOM Viewer, clique no botão **«NO»**.

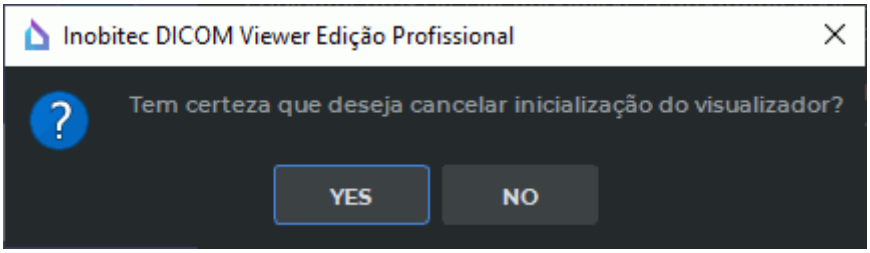


Figure 17: Diálogo de inicialização e confirmação de cancelamento de partida

Para completar a inicialização e iniciar a janela principal DICOM Viewer você deve completar todos os passos de configuração na tela de boas-vindas. Se inicializando DICOM Viewer tiver sido cancelado pelo usuário, o ecrã de boas-vindas será exibido na próxima vez que o programa for iniciado.

Para navegar para a próxima página, clique no botão **«CONTINUAR»**.

1. Na página **«Armazenamento Local»** (Fig. 18), insira o caminho à pasta do repositório local de dados DICOM. Recomendamos deixar o valor por padrão.

   O caminho para o repositório pode ser alterado pelo usuário após a inicialização do DICOM Viewer. Mais informações na Seção 16.1.

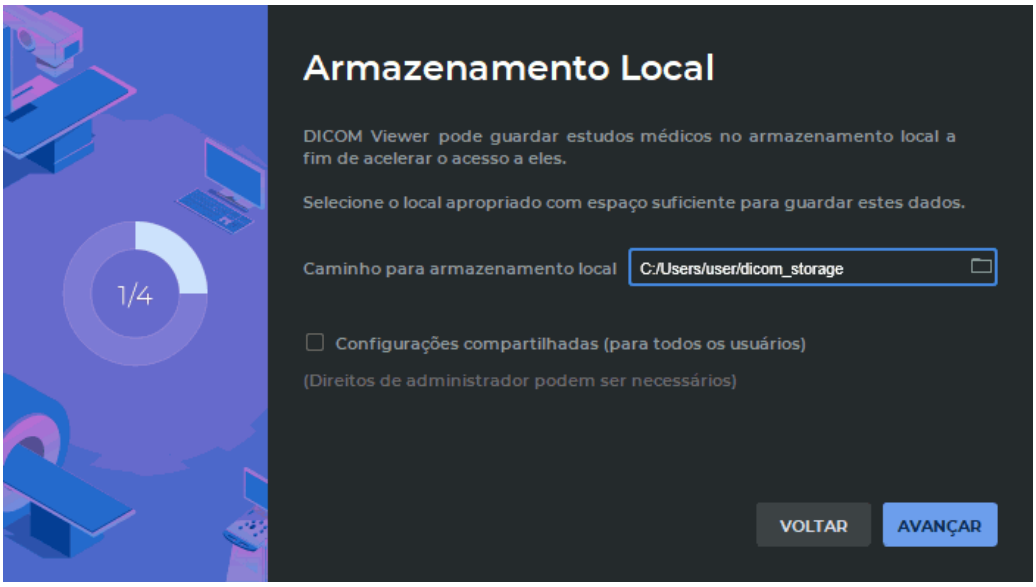


Figure 18: Caminho para o armazenamento local

Para que o repositório local fique disponível para todos os usuários desse computador, marque a opção **«Configurações compartilhadas (para todos os usuários)»**. Por padrão, a opção não é definida. Para definir a opção, é necessário que o DICOM Viewer tenha sido aberto em nome do usuário com privilégios de administrador. Os usuários que não são administradores não podem definir ou remover a opção. Nesse caso se abre uma janela de diálogo com o aviso (Fig. 19).

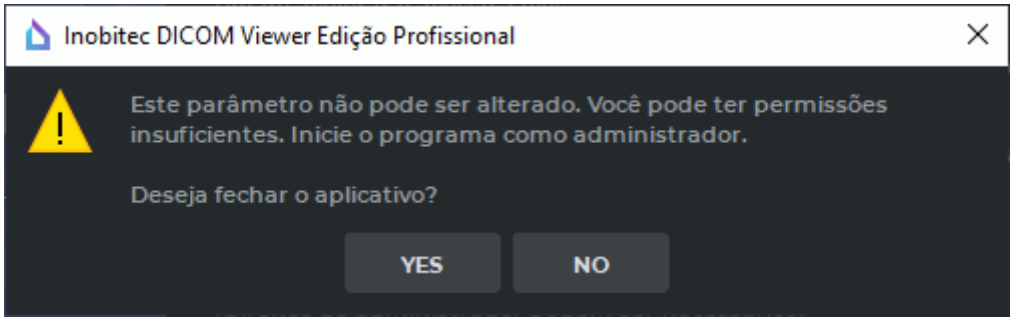


Figure 19: Aviso sobre a ausência de privilégios administrativos

Para continuar a inicialização do DICOM Viewer, clique no botão **«NO»**. Para fechar a janela de saudação sem salvar os valores dos parâmetros, clique no botão **«YES»**. O DICOM Viewer, nesse caso, não abre. A janela de saudação será aberta no último lançamento do DICOM Viewer.

Clique no botão **«AVANÇAR»**, para ir para a próxima página ou **«VOLTAR»** para retornar à anterior.

2. Na página **«Serviço DICOM»** (Fig. 20) são definidos os parâmetros do serviço DICOM de obtenção de arquivos.

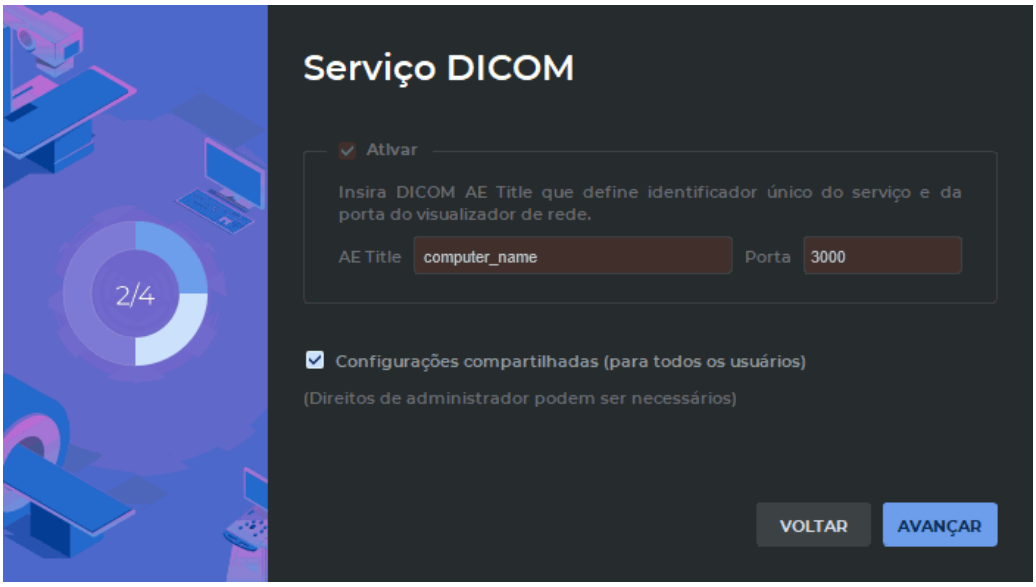


Figure 20: Definição dos parâmetros do serviço DICOM de obtenção de arquivos

- insira no campo do identificador o AE Title do computador. O comprimento do valor AE Title não deve exceder 16 símbolos. Símbolos cirílicos e o símbolo "\" nos valores do AE Title não são permitidos.
- defina a porta do serviço DICOM. Valor por padrão: 3000.

Essa funcionalidade do DICOM Viewer está descrita em detalhes na Seção 13.1.1 e pode ser configurada posteriormente. Se a configuração do serviço DICOM de obtenção de arquivos foi feita nesse computador anteriormente, então na janela mostrada na Fig. 20 são mostrados os valores anteriores. Com isso, os parâmetros do serviço DICOM, definidos anteriormente para um usuário concreto, são salvos se a instalação atual for realizada para todos os usuários ou para um novo usuário.

Para que as configurações do serviço DICOM de obtenção de arquivos fiquem disponíveis para todos os usuários desse computador, marque a opção **«Configurações compartilhadas (para todos os usuários)»**. Por padrão a opção não é marcada. Para definir a opção, é necessário que o DICOM Viewer tenha sido aberto em nome do usuário com privilégios de administrador. Os usuários que não são administradores não podem marcar ou desmarcar a opção. Nesse caso se abre uma janela de diálogo com o aviso (Fig. 19).

Para continuar a inicialização do DICOM Viewer, clique no botão **«NO»**. Para fechar a janela de saudação sem salvar os valores dos parâmetros, clique no botão **«YES»**. O DICOM Viewer não abre nesse caso. A janela de saudação será aberta no próximo lançamento do DICOM Viewer.

Clique no botão **«AVANÇAR»**, para ir para a próxima página ou **«VOLTAR»** para retornar à anterior.

3. Nas páginas de **«Pesquisa»** (figs. 21 e 22), participe da pesquisa respondendo a 2 perguntas.

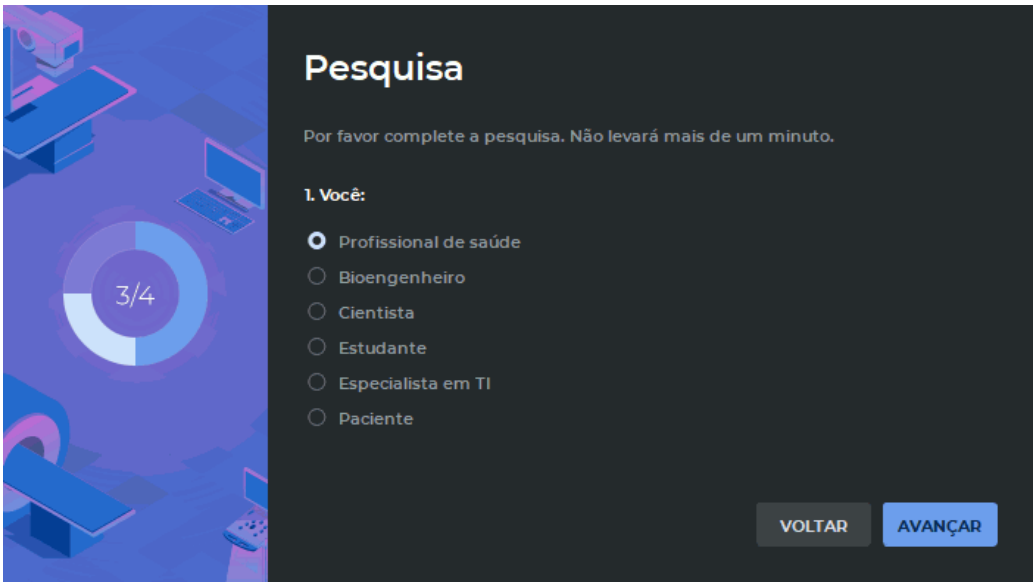


Figure 21: Primeira pergunta da pesquisa

Para responder a pergunta, selecione uma das opções de resposta usando o botão de opção. O botão **«PRÓXIMO»** fica disponível caso o usuário tenha marcado uma das opções de resposta. Para retornar ao passo anterior, clique **«VOLTAR»**.

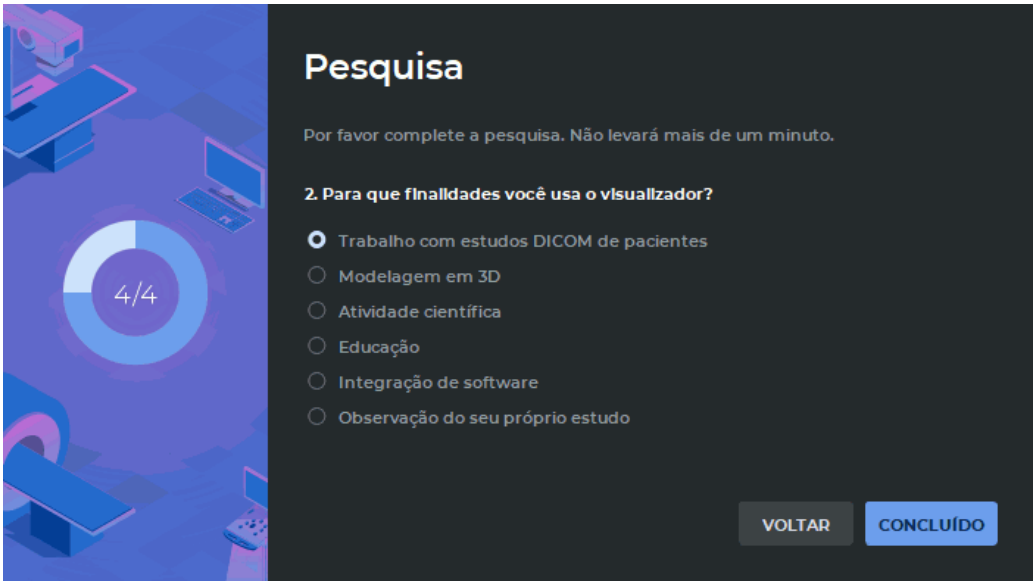


Figure 22: Segunda pergunta da pesquisa

O botão **«CONCLUÍDO»** fica disponível caso o usuário tenha marcado uma das opções de resposta.

Clique **«CONCLUÍDO»** para finalizar a inicialização do DICOM Viewer, ou **«VOLTAR»** para retornar ao passo anterior. Ao retornar ao passo anterior, os resultados atuais da pesquisa são salvos.

Lançamento do Web Viewer

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para utilizar o visualizador web, deve-se configurar o acesso web (Seção 13.1.3).

Para abrir o visualizador web, realize os seguintes passos:

1. Abra qualquer navegador web.
2. Insira a linha de endereço no campo para acesso ao visualizador web. O link é mostrado no diálogo de configurações dos serviços (Seção 13.1.3) e possui a forma *http://youraddress:port*, onde *youraddress* deve ser substituído pelo endereço ou o nome do computador no qual está instalado o DICOM Viewer, e *port* pela porta indicada nas configurações do acesso web.
3. Navegue para esse link.
4. Insira o nome do usuário e a senha definidos nas configurações do acesso web.

Chapter 1

Descrição dos elementos da janela do programa

A janela principal do aplicativo é mostrada na Fig. 1.1.

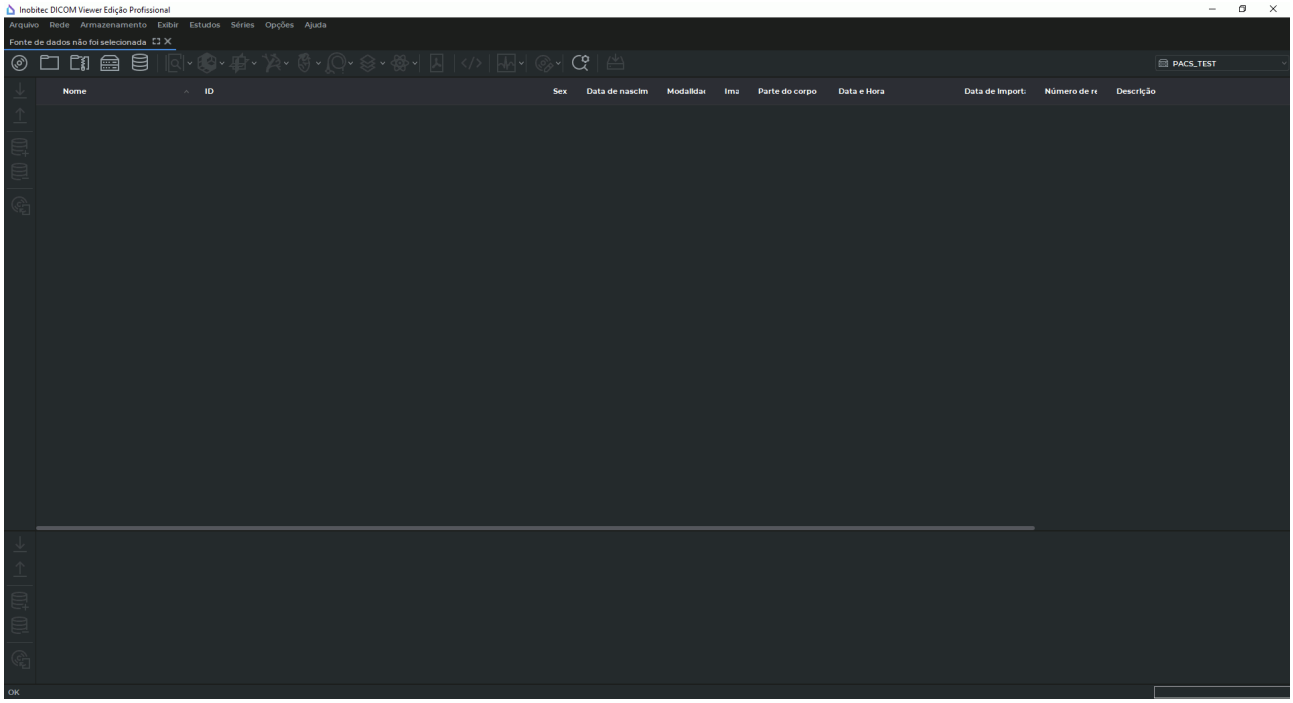


Figure 1.1: Aparência geral da janela do programa

A janela do DICOM Viewer é composta de vários elementos.

1.1 Menu principal

O menu principal é mostrado na Fig. 1.2 (destacado em vermelho).

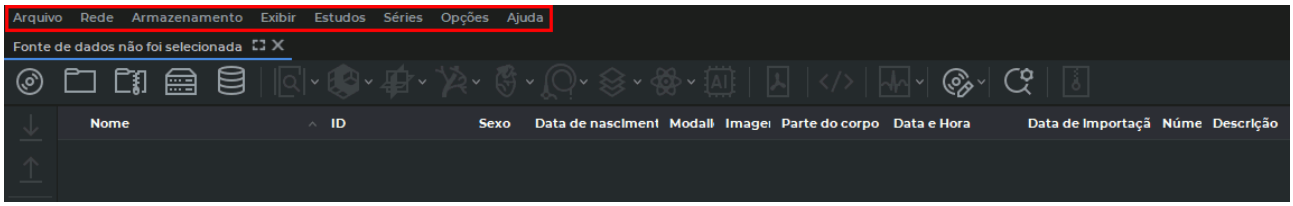


Figure 1.2: Disposição do menu principal na janela do DICOM Viewer

O menu principal é composto por vários itens.

1.1.1 Item do menu principal «Arquivo»

O item do menu contém os seguintes subitens:

- **«Lista de estudos»** abre uma nova aba na janela do programa;
- **«Modelo do relatório»**[PRO] abre o submenu para criar, eliminar ou editar o do modelo de protocolo (Capítulo 18);
- **«Resultados da anotação de imagem aberta...»**[ADD] abre a caixa de diálogo do sistema para selecionar um ficheiro JSON com resultados de anotação previamente guardados (Capítulo 12);
- **«Abrir projeto de segmentação de arquivo»**[ADD] abre a caixa de diálogo do sistema para selecionar o projeto de segmentação ou o ficheiro DTI que contém os dados DICOM originais. O projeto abre no separador predefinido (Secção 6.11.4);
- **«Abrir projeto como...»**[ADD] abre a caixa de diálogo do sistema para selecionar o arquivo do projeto de segmentação ou o ficheiro DTI que contém os dados DICOM originais. Este item de menu permite abrir uma parte do projeto e selecionar a guia na qual deseja abri-lo (Secção 6.11.4);
- **«Visualização»** abre a aba da visualização prévia de imagens para impressão em papel;
- **«Visualização DICOM»** abre a aba de visualização prévia de imagens para impressão DICOM;
- **«Configuração de página...»** abre a configuração de impressão em papel;
- **«Imprimir...»** abre o diálogo do sistema de impressão em papel;
- **«Sair»** conclui o trabalho do programa.

1.1.2 Ponto do menu principal «Rede»

O item do menu contém os seguintes subitens:

- **«Status de rede...»;**
- **«Lista de servidores...»;**
- **«Serviços»;**
- **«Configuração de impressora DICOM...».**

O funcionamento da rede é descrito no Capítulo 13.
A configuração da impressora DICOM é descrita no Capítulo 19.

1.1.3 Item do menu principal «Armazenamento»

O item do menu contém os seguintes subitens:

- **«Status de armazenamento...»;**
- **«Verificar armazenamento...»;**
- **«Limpar armazenamento...».**

O funcionamento do armazenamento é descrito no Capítulo 14.

1.1.4 Item do menu principal «Exibir»

O item do menu contém os seguintes subitens:

- **«Visualizador de imagens»;**
- **«Reconstrução volumétrica»;**
- **«Reconstrução MPR»;**
- **«Análise de vasos»**[ADD];
- **«Análise das artérias coronárias»**[ADD];
- **«Análise cardíaca»**[ADD];
- **«Endoscopia virtual»**[PRO];
- **«Fusão de séries»**[PRO];
- **«Análise PET»**[ADD];
- **«Abrir o documento pdf»**;
- **«Mostrar as tags da imagem»**;
- **«Visualizador ECG»**.

Se o nome de algum subitem estiver escrito em cinza, significa que a execução do respectivo comando não é possível para a análise selecionada. Se o nome de algum subitem estiver escrito em cinza, significa que uma pesquisa no painel de pesquisas não foi selecionada. A seleção de pesquisas é descrita na Seção 1.5. Para cada subitem está disponível uma das 3 opções de posicionamento de abas abertas na tela:

- **«Mostrar em tela 1»**: as imagens se abrem em uma nova aba;
- **«Mostrar como janela»**: as imagens se abrem em uma janela separada;
- **«Mostrar em tela cheia»**: as imagens se abrem no modo tela cheia. Para sair do modo de tela cheia, pressione a tecla **Esc** ou **F11** no teclado.

Se o DICOM Viewer for configurado para o trabalho com 2 monitores e/ou a tela do monitor estiver dividida, então as opções de posicionamento da aba podem ser de até 4. As configurações do monitor estão descritas na Seção 16.5.

1.1.5 Item do menu principal «Estudos»

O item do menu contém os seguintes subitens:

- **«Abrir DICOM CD/DVD...»**;
- **«Escanear pasta DICOM...»**;
- **«Abrir arquivo zip...»** (Seção 1.5.2);
- **«Pesquisar»**;
- **«Baixar os estudos selecionados para o armazenamento local»**;
- **«Carregar os estudos selecionados para o servidor remoto»**;
- **«Adicionar os estudos selecionados para o Armazenamento Local»**;
- **«Remover os estudos selecionados do Armazenamento Local»**;
- **«Adicionar as séries selecionadas para imagem DICOM CD/DVD»**;
- **«Salvar estudos para a pasta»**;
- **«Criar cópias anonimizadas dos estudos selecionados...»** (Seção 17.3);
- **«Exportar lista de estudos para CSV...»**;
- **«Editar nome de paciente»** (Seção 1.9.3);
- **«Restaurar nome de paciente»**;
- **«Editar descrição»** (Seção 1.9.3);
- **«Restaurar descrição»**.

Selecionar a fonte de dados é descrito na Seção 1.5. Para o subitem **«Pesquisar»** estão disponíveis as opções **«Pesquisar no servidor»** e **«Pesquisar no armazenamento local»**.

O trabalho com as análises está descrito na Seção 1.11.

1.1.6 Item do menu principal «Séries»

O item do menu contém os seguintes subitens:

- **«Baixar as séries selecionadas para o armazenamento local»**;
- **«Carregar as séries selecionadas para o servidor remoto»**;
- **«Adicionar as séries selecionadas para o Armazenamento Local»**;
- **«Remover as séries selecionadas do Armazenamento Local»**;
- **«Adicionar as séries selecionadas para imagem DICOM CD/DVD»**;
- **«Salvar séries para a pasta»** (Seção 1.6.2);
- **«Criar cópia descompactada de série»** (Seção 1.13);
- **«Criar cópia anonimizada de série...»** (Seção 17.3);
- **«Classificar»**.

Para o subitem **«Classificar»** estão disponíveis as opções **«Classificar por tempo»**, **«Classificar por descrição»** e **«Classificar por número de série»**.

O trabalho com as séries é descrito na Seção 1.11.

1.1.7 Item do menu principal «Opções»

O item do menu contém os seguintes subitens:

- **«Configurações...»**;
- **«Exportar configurações...»**;
- **«Importar configurações...»**.

Configuração DICOM Viewer é descrito no Capítulo 16.

1.1.8 Item do menu principal «Ajuda»

O item do menu contém os seguintes subitens:

- **«Sumário...»** abre o sistema de ajuda;
- **«Licença...»** abre a janela para inserção da chave de licença;
- **«Licença de arquivo...»** abre a janela para seleção do arquivo com a chave de ativação da versão de teste;
- **«Sobre...»** exibe a janela com as informações sobre o DICOM Viewer.

O sistema de ajuda está descrito no Capítulo 22.

1.2 Gestão da janela

Para ao abrir a janela o aplicativo desaparecer do painel de tarefas, mas não concluir o trabalho, marque a opção **«Mostrar ícone de bandeja do sistema»** (Seção 16.3). Para restabelecer a janela, clique duas vezes com o botão esquerdo do mouse no símbolo na área de notificações ou clique com o botão direito no símbolo e selecione o comando **«Restaurar»**. Para fechar a janela, no comando **«Sair»** (Fig. 1.3).

Para configurar a ocultação na área de notificações ao minimizar a janela, marque a opção **«Minimizar a bandeja»**.

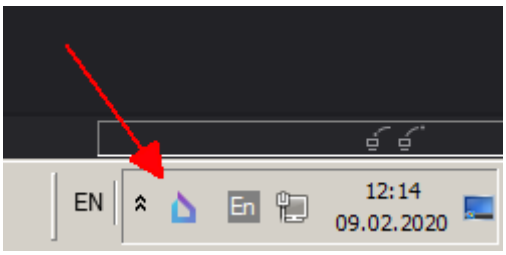


Figure 1.3: Símbolo do DICOM Viewer na área de notificações

Ao concluir o trabalho do DICOM Viewer, aparecerá um diálogo de confirmação. Para abrir o aplicativo, clique em **«Sim»**. Para continuar a trabalhar, clique em **«Não»**. Para que esse diálogo não apareça mais e o aplicativo não termine o trabalho, marque a opção **«Não mostrar mais este aviso»** e clique em **«Sim»**. Para que o diálogo volte a aparecer, defina nas configurações a opção **«Confirmar a saída»** (Seção 16.2).

1.3 Painel de abas

1.3.1 Informações

Chama-se de aba a janela vinculada a uma janela principal do programa. As abas podem ser desligadas com botões no painel de abas. O painel de abas está destacado na Fig. 1.4 em cor vermelha.

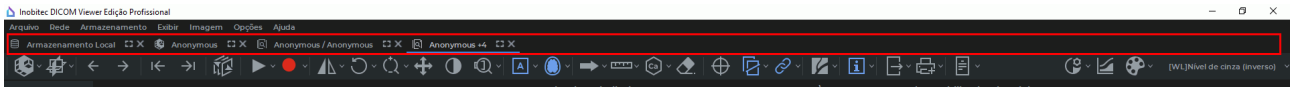


Figure 1.4: Disposição no painel de abas na janela do DICOM Viewer

A cada aba aberta na janela do DICOM Viewer corresponde um esboço no painel. Para ir para a aba desejada, clique no seu esboço no painel.

O talão da aba exibe informações sobre seu conteúdo. Por padrão, o nome do paciente é exibido no talão da aba. O tipo de módulo é exibido como um ícone à esquerda do nome do paciente (Fig. 1.5).

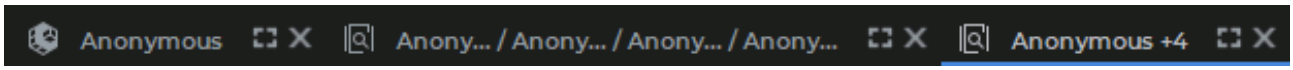


Figure 1.5: Os nomes dos doentes são apresentados nos talões de registo. A aba «Visualizador de imagens» está ativa

Se vários ensaios estiverem abertos num separador, os nomes dos doentes são apresentados com um sinal «/». Os nomes de doentes com mais de um caractere são truncados e terminam com uma elipse. Por exemplo *Nome do doente.../ Nome do doente.../ Nome do doente...*

Se restarem menos de cinco caracteres para cada nome, a coluna do separador apresenta o nome do primeiro doente e o número de caracteres restantes. A coluna do separador apresenta o nome do primeiro doente e o número de nomes que não cabem, por exemplo: *Nome do doente...+4*.

Ao colocar o cursor do rato sobre a coluna do separador, é apresentada uma dica de ferramenta pop-up, com a lista completa dos nomes dos doentes. O nome do doente da primeira camada é apresentado na coluna do separador da série fundida.

Para alterar a exibição de informações no talão da aba, passe para as configurações do programa (consulte a Seção 16.2).). Além do nome, o talão da aba pode exibir a data do exame (Fig. 1.6) ou apenas exibir o nome do módulo (Fig. 1.7).

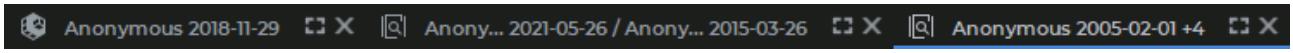


Figure 1.6: Os nomes dos doentes e as datas do estudo são apresentados nos separadores

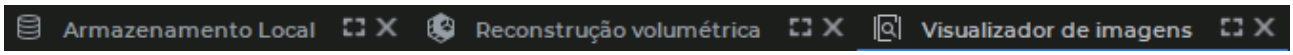


Figure 1.7: Os nomes dos módulos são apresentados nos separadores

1.3.2 Gestão de abas

Para gerenciar a aba, existem botões na sua parte superior direita (na Fig. 1.8 está destacada em cor vermelha).

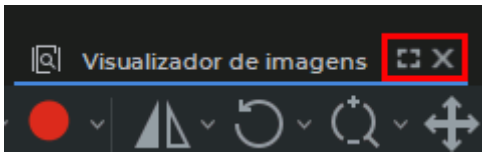


Figure 1.8: Disposição dos botões de gestão de aba

Botões de controle da aba:

⛶	O botão **«Modo tela cheia»** mostra a aba no modo de tela cheia. Os botões de gestão de aba não estão disponíveis. Para sair, clique na tecla **Esc** ou **F11**.
X	O botão **«Fechar janela»** fecha a aba.

A passagem para o modo de tela cheia é realizada também pressionando a tecla **F11**, e o retorno, pressionando o botão **F11** ou **Ecs**.

Se a aba estiver disposta em uma janela separada,, então a área de trabalho do DICOM Viewer possui uma aparência igual à mostrada na Fig. 1.9.

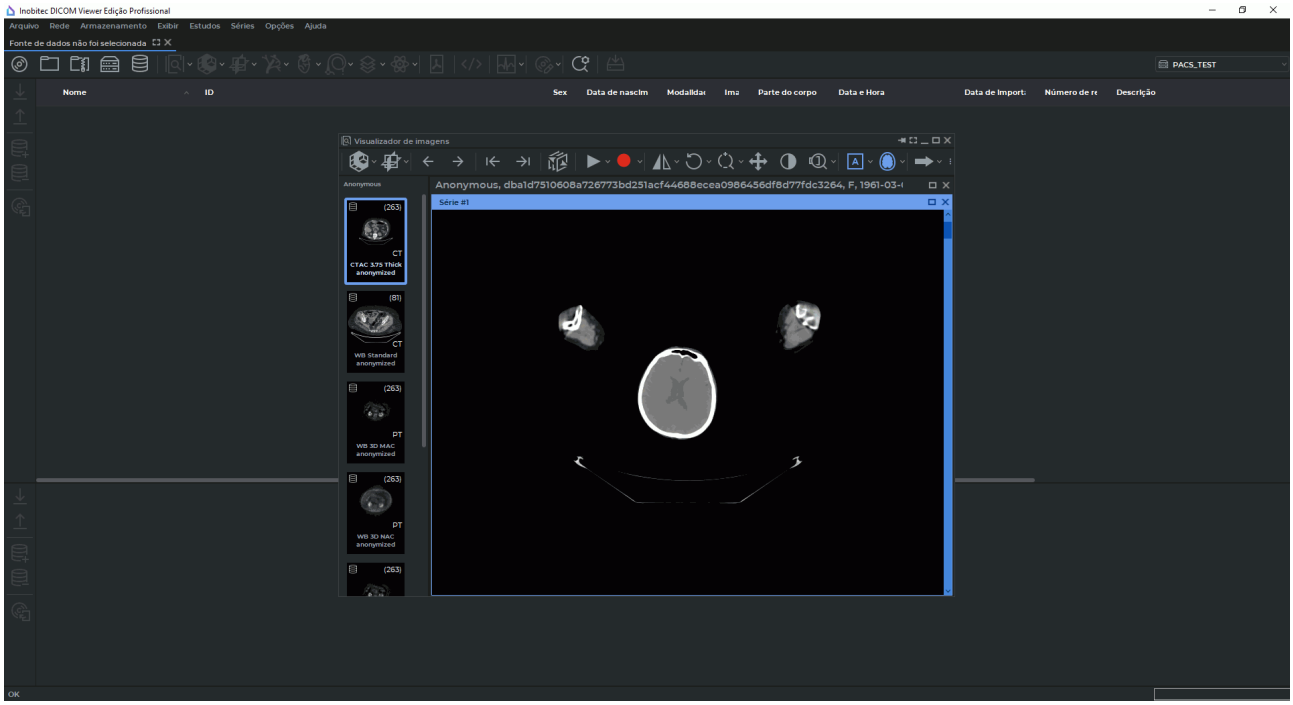


Figure 1.9: Aba aberta em janela separada

Os botões de gestão de janela, são dispostos no canto superior direito da janela (Fig. 1.9 destacados em vermelho).

Botões de gestão de janela:

📌	O botão **«Anexar janela»** ”anexa” a janela à janela principal do DICOM Viewer em forma de aba.
⛶	O botão **«Modo de tela cheia»** mostra a janela no modo de tela cheia. Os botões de gestão de janela estão indisponíveis. Para sair do modo de tela cheia, pressione a tecla **Esc** ou **F11** no teclado.

—	O botão **«Minimizar janela»** minimiza a janela no pictograma dispostos na parte inferior da tela (Fig. 1.10, o pictograma está destacado em vermelho). No pictograma está escrito o nome da janela.
☐	O botão **«Expandir»** aumenta a janela para toda a tela. Ao contrário do modo de tela cheia, estão disponíveis os botões de gestão de janela.
✕	O botão **«Fechar janela»** fecha a janela.
⧉	O botão **«Minimizar para a janela»** restabelece o tamanho inicial da janela.

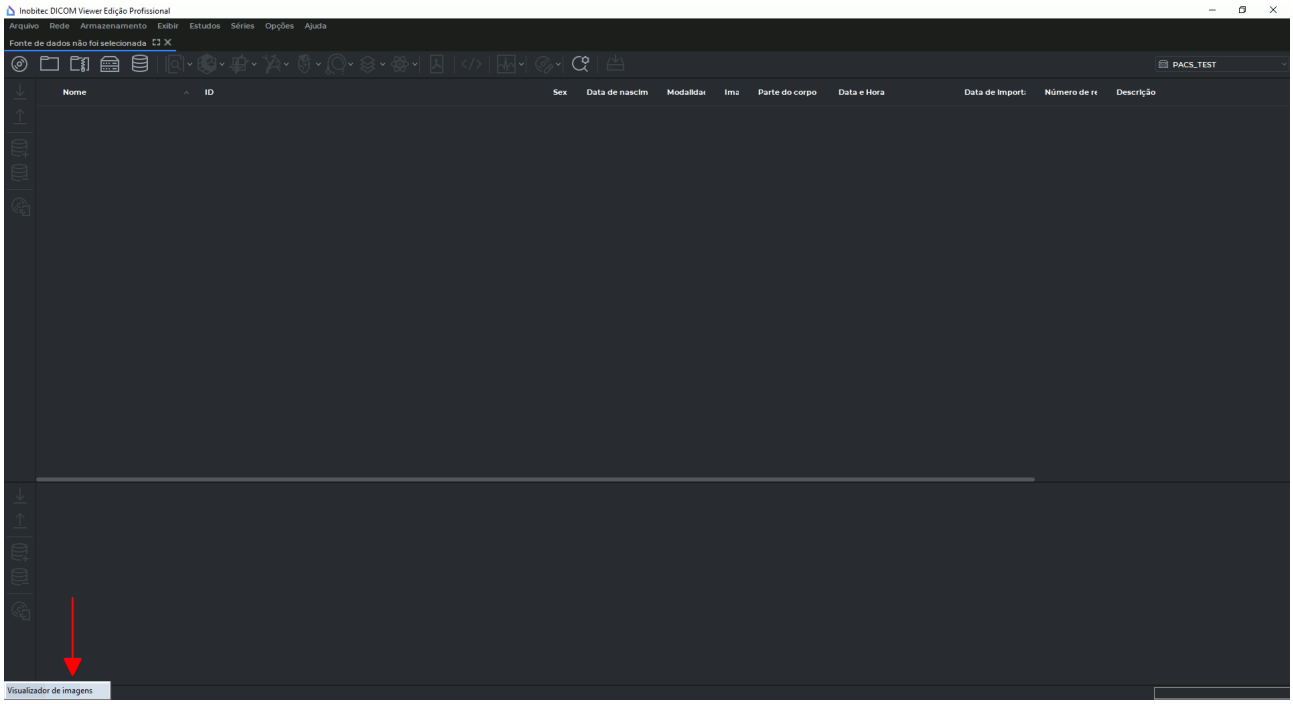


Figure 1.10: Janela minimizada no pictograma

Para reabrir a janela do pictograma, clique duas vezes com o botão esquerdo do mouse no pictograma.

1.4 Painel de ferramentas

O painel de ferramentas é mostrado na Fig. 1.11 (destacado em vermelho).

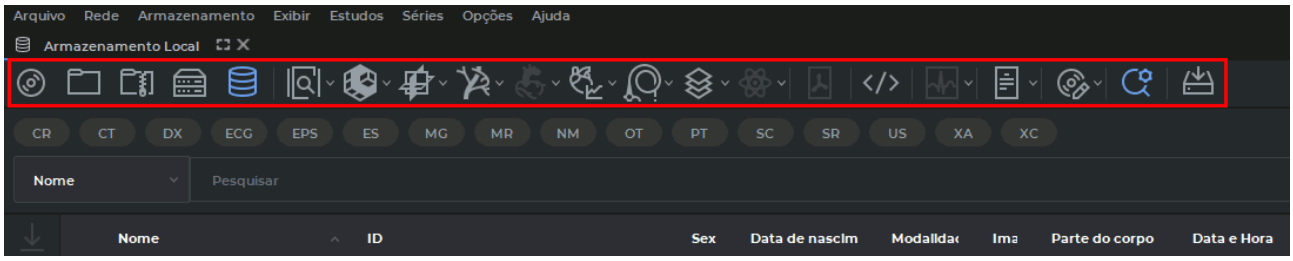


Figure 1.11: Disposição do painel de ferramentas na janela do DICOM Viewer

Botões de seleção de fonte de dados no painel de ferramentas

	O botão **«Abrir DICOM CD/DVD, que contém metarquivo DICOMDIR»** define a fonte dos dados DICOM um disco CD ou DVD. Abre o diálogo de seleção de pasta.
	O botão **«Pesquisar a pasta por dados DICOM»** defina a pasta com a fonte de dados DICOM com as análises. Abre o diálogo de seleção de pasta.
	O botão **«Abrir arquivo zip com dados DICOM»** configura a pasta como fonte de dados DICOM comprimidos em arquivo zip. Abre o diálogo de seleção de pasta.
	O botão **«Pesquisar os dados no Servidor PACS remoto»** define o servidor PACS como fonte de dados DICOM. Abre o painel de busca.
	O botão **«Pesquisar os dados no Armazenamento Local»** define o repositório local como fonte de dados DICOM. Abre o painel de busca.

O trabalho com o painel de busca está descrito na Seção 1.7. O botão correspondente à fonte selecionada é mostrado em fundo colorido. Botões de visualização de imagens no painel de instrumentos:

	O botão **«Visualizador de imagens»** abre as imagens na janela de visualização de imagens planas.
	O botão **«Reconstrução volumétrica»** abre as imagens na janela de reconstrução volumétrica.
	O botão **«Reconstrução MPR»** abre as imagens na janela de reconstrução multiplanar.

	O botão **«Análise de vasos»** abre as imagens na janela de análise de vasos[ADD].
	O botão **«Análise das artérias coronárias»** abre as imagens na janela de análise de artérias coronárias[ADD].
	O botão **«Análise cardíaca»** abre as imagens na janela de análise funcional cardíaca [ADD].
	O botão **«Endoscopia virtual»** abre as imagens na janela de endoscopia virtual[PRO].
	O botão **«Fusão de séries»** abre as imagens na janela de unificação de séries[PRO].
	O botão **«Análise PET»** abre as imagens na janela de análise PET[ADD].
	O botão **«Abrir o documento pdf»** abre o conteúdo do documento PDF da análise no programa para visualização de PDF por padrão.
	O botão **«Mostrar as tags da imagem»** abre a janela de visualização de marcadores DICOM para a série da análise selecionada (Capítulo 17).
	O botão **«Visualizador ECG»** abre as imagens na janela de visualização de ECG.
	O botão **«Relatório»** abra a janela do editor de protocolos[PRO](Capítulo 18).

Se a ação contida no botão não puder ser realizada, o botão é mostrado acinzentado e não é possível clicar nele (botão inativo).

Todos os botões desse grupo são compostos por duas partes (Fig. 1.12).

Figure 1.12: Botão com seleção de opção de posicionamento

Clicar na seta (parte direita do botão, destacada em verde), leva à exibição do menu com as opções de posicionamento das informações na tela:

- **«Mostrar em tela 1»**: as imagens se abrem em uma nova aba;
- **«Mostrar como janela»**: as imagens se abrem em uma janela separada;
- **«Mostrar em tela cheia»**: as imagens se abrem no modo tela cheia. Para sair do modo de tela cheia, pressione a tecla **Esc** ou **F11** no teclado.

Para abrir a imagem em uma nova aba, clique na parte esquerda do botão (destacada em vermelho).

DICOM Viewer permite-lhe abrir séries selecionadas em separadores diferentes atalhos de teclado. Para os separadores mais utilizados, são atribuídas ”teclas de atalho” por predefinição (o atalho de teclado para o sistema operativo macOS é indicado entre parênteses):

- **«Visualizador de imagens»** Alt + I (Option + I);
- **«Reconstrução MPR»** Alt + M (Option + M);
- **«Reconstrução volumétrica»** Alt + D (Option + D);
- **«Análise de vasos»** Alt + V (Option + V);
- **«Análise das artérias coronárias»** Alt + C (Option + C).

Pode alterar as teclas de atalho e atribuir novas teclas a outros separadores no grupo **«Tabs»** das definições das **«Teclas de atalho»** (ver Secção 16.8).

A abertura de uma série com um atalho de teclado é efetuada a partir da lista de estudos, onde existem botões correspondentes.

	O botão **«Editor DICOM CD/DVD»** abre o editor de gravação de disco que contêm dados DICOM. Gravação de discos no Capítulo 15.
	O botão **«Mostrar painel de pesquisa avançada»** abre o painel de busca na parte superior da aba. O segundo clique no botão esconde o painel de busca. Se o painel de busca estiver aberto, o botão de busca é mostrado em um fundo claro. O trabalho com o painel está descrito na próxima seção.
	O botão **«Salvar estudos para a pasta»** permite salvar as análises selecionadas na pasta indicada. Essa função também está disponível no menu de contexto da análise e no menu principal **«Estudos»**. Mais informações na Seção 1.6.1

1.5 Seleção da fonte de dados

Se os dados DICOM contiverem texto em codificação nacional, que não corresponde à codificação dos dados principais, ocorre a exibição de símbolos sem sentido nos nomes das pesquisas, séries, etc. Nesse caso, para a exibição correta do texto, deve-se selecionar a codificação correta nas configurações (Seção 16.4). Por padrão está definida a codificação da fonte de dados, ou seja, a indicada nos arquivos DICOM.

1.5.1 Seleção de CD/DVD ou pasta local como fonte de dados

Para abrir as análises contidas em disco CD/DVD ou na pasta, realize os seguintes passos:

1. Selecione o disco CD/DVD como fonte de dados, clicando no botão no painel de ferramentas ou pasta clicando no botão . Os comandos **«Abrir DICOM CD/DVD...»** e **"Pesquisar a pasta por dados DICOM"** também estão disponíveis no menu **«Estudos»**.

2. Na janela que se abre, selecione a pasta que contém as imagens e clique no botão **«Selecionar pasta»**. Para cancelar a ação, clique no botão **«Cancelar»**.

No painel de análises são mostradas as análises contidas na fonte selecionada.

As análises que se encontram no processo de carregamento a partir da pasta local, podem ser abertas nas abas **«Visualizador de imagens»**, **«Visualizador ECG»** e **«Visualizador de tags DICOM»** antes da conclusão da leitura de todos os arquivos. Também estão disponíveis para o trabalho os documentos PDF.

A abertura das análises em outras abas, as operações de salvamento, gravação e envio para o servidor ficam disponíveis após a conclusão da leitura de todos os catálogos da análise. Se na pasta com a análise se encontrarem várias séries, então a lista completa de séries é mostrada apenas após a conclusão da leitura de todos os arquivos.

O processo de carregamento das análises a partir da pasta local é mostrado no painel de informações do progresso linear. Se a aba for fechada antes da conclusão da leitura dos arquivos, então o processo é interrompido.

Atenção! Se você for para outra fonte de dados e depois voltar para a atual, a lista de análises é apagada.

1.5.2 Seleção de arquivo zip como fonte de dados

O DICOM Viewer permite abrir e visualizar análises comprimidas em arquivo zip.

Para abrir as análises comprimidas em arquivos zip contidos na pasta, realize as seguintes ações:

1. Selecione o arquivo zip que contém os dados, clicando no botão **«Abrir arquivo zip com dados DICOM»** no painel de ferramentas. O comando **«Abrir arquivo zip...»** também está disponível no menu **«Estudos»**.

2. Na janela que se abre, selecione um ou mais arquivos zip e clique no botão **«Abrir»**. Para cancelar a acção, prima o botão **«Cancelar»**.

No painel de análises são mostradas as análises contidas na fonte selecionada.

O trabalho com as análises abertas a partir de arquivos zip é realizado da mesma forma que as análises abertas a partir do repositório local.

Nas miniaturas das séries abertas a partir do arquivo zip é mostrado o símbolo . Arquivos zip danificados e arquivos danificados dentro dos arquivos zip são ignorados pelo DICOM Viewer.

Se um arquivo zip criptografado for aberto, é mostrado o diálogo (Fig. 1.13). Insira a senha e clique em **«OK»**, para abrir o arquivo protegido, ou **«CANCELAR»** para cancelar.

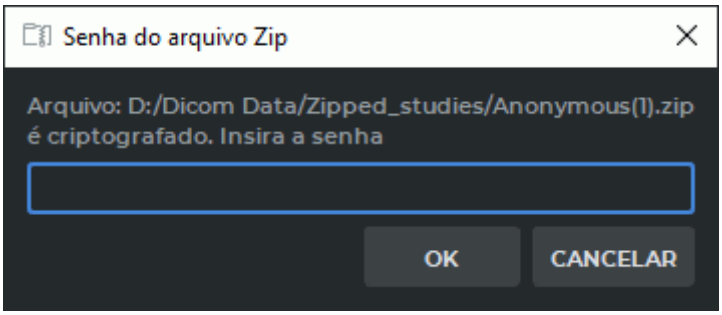


Figure 1.13: Diálogo para inserir a senha do arquivo zip

Atenção! Se você for para outra fonte de dados e depois voltar para a atual, a lista de análises é apagada.

1.5.3 Abertura de análises DICOM por arrasta e solta

As análises DICOM podem ser abertas de algumas formas:

1. **Arrastando e soltando para o ícone do DICOM Viewer.** Arraste da janela do explorador, uma ou mais pastas com análises DICOM ou outros arquivos para o ícone do DICOM Viewer (disponível apenas para Windows e macOS). Abre-se uma nova aba **«Dados DICOM na pasta»** ou **«Dados DICOM no arquivo zip»** com a lista de análises. Também se abre a aba **«Visualizador de imagens»** com a primeira série da primeira análise.

   É suportado arrastar e soltar arquivos zip para o ícone do DICOM Viewer e pastas desarquivadas com dados DICOM. Nesse caso são abertas novas abas **«Dados DICOM no arquivo zip»** e **«Dados DICOM na pasta»** com as listas de análises. São abertas novas abas **«Visualizador de imagens»** com a primeira série da primeira análise de cada lista.

   Se o DICOM Viewer já tiver sido iniciado, os estudos contidos na pasta são abertos no programa atual, independentemente do programa atual e o atalho com a versão e a edição do programa selecionado pelo utilizador (ver Secção «Lançamento de vários exemplares do programa»).

2. **Arrastar e soltar análises para a lista de análises do DICOM Viewer.** Arraste e solte a partir da janela do explorador de arquivos um ou mais pastas com análises DICOM ou arquivos zip para a lista de análises do DICOM Viewer. Abre-se uma nova aba **«Dados DICOM na pasta»** ou **«Dados DICOM no arquivo zip»** com a lista de análises. Também se abre a aba **«Visualizador de imagens»** com a primeira série da primeira análise.

   São suportados para o arrasta e solta para o ícone do DICOM Viewer, arquivos zip e pastas desarquivas com dados DICOM. Nesse caso são abertas novas abas **«Dados DICOM no arquivo zip»** e **«Dados DICOM na pasta»** com as listas de análises. São abertas novas abas **«Visualizador de imagens»** com a primeira série da primeira análise de cada lista.

3. **Arrastar e soltar as análises para a janela de visualização de imagens planas do DICOM Viewer.** Arraste e solte a partir da janela do explorador de arquivos um ou mais

pastas com análises DICOM ou arquivos zip para a janela de visualização de imagens planas do DICOM Viewer. A análise a as suas séries são adicionadas ao painel de séries. A primeira série da análise é aberta em uma nova janela de visualização de imagens planas.

São suportados para arrastar e soltar para a janela de visualização de imagens do DICOM Viewer arquivos zip e pastas desarquivadas com dados DICOM. As análises e as suas séries são adicionadas ao painel das séries. As primeiras séries das análises são abertas em novas janelas de visualização de imagens planas.

4. **Arrastar e soltar análises para a a raiz da aba aberta de visualização de imagens planas do DICOM Viewer.** Arraste e solte a partir da janela do explorador de arquivos um ou mais pastas com análises DICOM ou arquivos zip para a raiz de aba aberta de visualização de imagens planas do DICOM Viewer. A análise a as suas séries são adicionadas ao painel de séries. A primeira série da análise é aberta em uma nova janela de visualização de imagens planas.

   É suportado arrastar e soltar para a raiz da aba aberta de visualização de imagens planas arquivos zip e pastas desarquivadas com dados DICOM. As análises e as suas séries são adicionadas ao painel. As análises e as suas séries são adicionadas ao painel das séries. As primeiras séries das análises são abertas em novas janelas de visualização de imagens planas.

1.5.4 Abrir estudos DICOM a partir do menu de contexto

A função só está disponível em sistemas operativos do tipo Windows.

No sistema operativo Windows, os estudos DICOM podem ser abertos pelo programa DICOM Viewer através do menu de contexto do Explorador. Para este efeito, é necessário instalar o DICOM Viewer a opção **«Iniciar o visualizador do menu de contexto do explorador»** na janela **«Parâmetros estendidos»** (Fig. 7). A alteração da definição desta opção é efetuada na secção **«Comportamento»** da janela de configuração do DICOM Viewer (consulte a Secção 16.3).

Para abrir um estudo através do menu de contexto do explorador, proceda da seguinte forma:

1. Abra a janela do Explorer e selecione a pasta onde o estudo está localizado.

2. Clique com o botão direito do rato na pasta selecionada e selecione **«Abrir com o Inobitec DICOM Viewer <Edição> <Versão> »** no menu de contexto..

Se estiverem instaladas várias versões e edições do DICOM Viewer, então o menu de contexto apresentará:vários itens para abrir as versões e revisões correspondentes do programa.

Os estudos contidos na pasta são abertos num novo separador **«Dados DICOM na pasta»**, e a primeira série do primeiro estudo da lista é aberta no novo separador **«Visualizador de imagens»**.

Se o DICOM Viewer já tiver sido iniciado, a lista de estudos e a primeira série do primeiro estudo da lista são abertas em novos separadores do separador atua.

Se o DICOM Viewer já tiver sido iniciado e minimizado para o tabuleiro do sistema, é ativado (consulte a Secção 1.2).

Para abrir um estudo, utilize o menu de contexto do programa (consulte a Secção **«Lançamento de vários exemplares do programa»**).

1.5.5 Seleção do repositório local ou do servidor PACS como fonte de dados

Para abrir as análises contidas no servidor PACS ou no repositório local, realize as seguintes ações:

1. Selecione o servidor PACS como fonte de dados, clicando no botão **«Pesquisar os dados no Servidor PACS remoto»** repositório local, clicando no botão **«Pesquisar os dados no Armazenamento Local»** . Esses comandos também estão disponíveis no menu **«Estudos»**.

2. Realize a busca dos dados no painel de busca que se abre. O trabalho com o painel de busca está descrito na Seção 1.7. No painel de análises são mostradas as análises que correspondem às condições da busca. No painel de séries são mostradas as séries da primeira análise encontrada.

Atenção! Se você for para outra fonte de dados e depois voltar para a atual, a lista de análises é apagada.

Para que ao abrir o DICOM Viewer automaticamente ao abrir o repositório local, marque a opção correspondente (Seção 16.7.2) e selecione o período da busca que será utilizado por padrão.

A pesquisa aberta a partir do servidor PACS é baixada automaticamente para o repositório local, e ao abrir aparece uma mensagem com a aparência **«1 série foi baixada a partir do servidor para o repositório local automaticamente. Você deseja mantê-la no repositório local?»**. Para manter a análise no repositório local clique em **«Sim»**. Para apagar, **«Não»**. Para que a janela atual não apareça mais e a ação selecionada sempre seja escolhida, marque a opção **«Lembrar minha escolha e não mostrar mais este aviso»**. A definição dessa configuração está descrita na Seção 16.7.2.

Para análise, adicionada ao repositório local para pelo menos uma análise parcial no painel, é mostrada a data da importação.

Quando o DICOM Viewer se abre como um servidor PACS, no seu repositório local entram os dados dos dispositivos remotos. A transferência dos dados pode ser inicializada por uma parte indicada, por exemplo, um tomógrafo, um Servidor DICOM ou um DICOM Viewer definido em outro computador.

A lista de análises no repositório local é atualizada automaticamente ao obter os dados das fontes suportadas.

As novas análises que entram de outras fontes para o repositório local são mostradas na lista de análises com o ícone . O ícone é removido após a seleção da nova análise ou a realização de busca (após o clique no botão **«PESQUISAR»** no painel de busca). As novas análises recebidas a partir de fontes externas e critérios não satisfeitos de busca não são mostradas na lista de análises (mais detalhes, ver Seção 1.7).

1.6 Guardar estudos e séries numa pasta

1.6.1 Salvamento das análises na pasta

O DICOM Viewer permite salvar na pasta uma ou mais pesquisas-a partir do repositório local, da pasta, do CD ou do servidor PACS.

Atenção! O salvamento das análises a partir do servidor PACS que funciona no modo C-MOVE não é possível. Para salvar esse tipo de análise, ou defina para ela o modo C-GET nas configurações de conexão, ou primeiro baixe as análises para o repositório local e então salve-as na pasta a partir de lá.

Ao tentar salvar as análises a partir do servidor no modo C-MOVE, aparece o erro **«Modo de servidor não suportado»**.

A configuração da conexão ao servidor PACS está descrita na Seção 13.2.

Se for realizada a compressão dos dados, a pasta com a análise é salva no arquivo zip.

Para salvar as análises na pasta, realize as seguintes ações:

1. Selecione a fonte de dados (repositório local, pasta, CD, servidor PACS que funcione no modo C-GET. A seleção da fonte de dados está descrita na Seção 1.5.

2. Realize a busca dos dados no painel de busca que se abre. O trabalho com o painel de busca está descrito na Seção 1.7. No painel de análises são mostradas as análises que correspondem às condições da busca.

3. Selecione uma ou mais análises no painel de análises. O trabalho com o painel é descrito na Seção 1.9.

4. Clique no botão **«Salvar estudos para a pasta»**.

5. No diálogo que se abre (Fig. 1.14) defina os seguintes parâmetros:

   - **Caminho para salvar**: caminho para a pasta na qual é salva a análise;
   - **Noma da pasta (Nome do arquivo)**: se para o salvamento for selecionada apenas uma análise, esse parâmetro está disponível para edição. Se houver mais de uma, o DICOM Viewer forma automaticamente o nome da pasta (arquivo), e o campo **«Noma da pasta (Nome do arquivo)»** ficará vazio. Se um arquivo com esse nome já existir, o DICOM Viewer propõe reescrevê-lo;
   - a opção **«Compactar arquivos»**: se estiver disponível, os dados salvos são comprimidos no arquivo zip;
   - se forem selecionadas várias análises, então aparece a opção **«Salvar cada estudo numa pasta separada (arquivo)»**, que permite salvar as análises em pastas separadas (arquivos zip);
   - a opção **«Anonimizar»** permite tornar anônimos os dados salvos. Mais informações na Seção 17.3;
   - A opção **«Adicionar a extensão de arquivo ".dcm"»** permite guardar todos os ficheiros de dados com a extensão *.dcm*. Por predefinição, a opção está desativada. Ao guardar ficheiros com a extensão *.dcm*, não é criado um ficheiro DICOMDIR especial;

- para restabelecer as configurações do diálogo para o padrão, clique no botão **«POR PADRÃO»**.

6. Clique em **«OK»** para salvar ou **«CANCELAR»** para cancelar a ação.

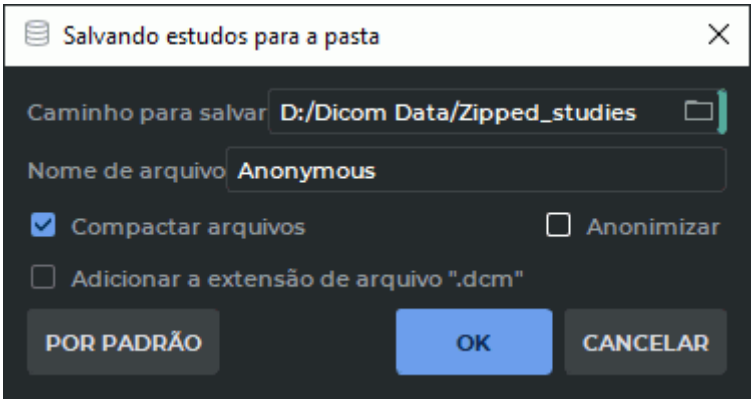


Figure 1.14: Diálogo «Salvamento de análises na pasta»

Os dados salvos na pasta são adequados para a gravação conseguinte em um CD através do sistema operacional. O disco é aberto também como se fosse aberto pelo DICOM Viewer (sem adicionar o Inobitec DICOM Disc Viewer ao modelo de disco).

1.6.2 Guardar séries de estudos numa pasta

DICOM Viewer permite-lhe guardar numa pasta um ou mais episódios de um único estudo a partir do armazenamento local, de uma pasta, de um CD ou de um servidor PACS.

Atenção! O salvamento das análises a partir do servidor PACS que funciona no modo C-MOVE não é possível. Para salvar esse tipo de análise, ou defina para ela o modo C-GET nas configurações de conexão, ou primeiro baixe as análises para o repositório local e então salve-as na pasta a partir de lá.

Ao tentar salvar as análises a partir do servidor no modo C-MOVE, aparece o erro **«Modo de servidor não suportado»**.

Ao tentar salvar as análises a partir do servidor no modo C-MOVE, aparece o erro **«Modo de servidor não suportado»**.

A configuração da conexão ao servidor PACS está descrita na Seção 13.2.

Para guardar a série de estudos numa pasta, siga os passos abaixo:

1. Selecione a fonte de dados (repositório local, pasta, CD, servidor PACS que funcione no modo C-GET. A seleção da fonte de dados está descrita na Seção 1.5.

2. Realize a busca dos dados no painel de busca que se abre. O trabalho com o painel de busca está descrito na Seção 1.7. No painel de análises são mostradas as análises que correspondem às condições da busca.

3. Seleccionar um estudo do painel de investigação. O trabalho com o painel é descrito na Seção 1.9.

4. Seleccionar uma ou mais séries no painel de séries. O trabalho com o painel é descrito na Seção 1.10.

Não é possível guardar episódios combinados numa pasta.

5. No item **«Séries»** do menu principal, selecione o comando **«Salvar séries para a pasta»**.

   Se houver uma série entre as séries selecionadas que possa ser guardada, o comando **«Salvar séries para a pasta»** está disponível. Se, entre as séries selecionadas, houver uma série que possa ser salva, a equipe **«Salvar série para pasta»** estará disponível. Ao preservar a série, a série combinada será perdida na pasta.

6. Na janela de diálogo **«Saving series to the folder»**, devem ser definidos os parâmetros necessários. A interface da caixa de diálogo é semelhante à interface da caixa de diálogo «Guardar séries na pasta» (Fig. 1.14).

7. Clique em **«OK»** para guardar ou em **«CANCELAR»** para cancelar a ação.

As séries guardadas na pasta estão prontas a ser visualizadas e posteriormente gravadas num no disco compacto, utilizando o sistema operativo.

1.7 Painel de busca

O painel de busca de análises é mostrado na Fig. 1.15.

Para abrir ou fechar o painel, clique no botão no painel de ferramentas.

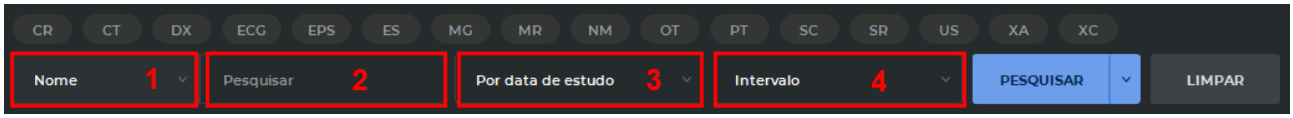


Figure 1.15: Painel de busca

A solicitação de busca é realizada no campo de texto (marcado com o número «2» na Fig. 1.15). Seleciona na lista pendente (marcada com o número «1» na Fig. 1.15) um dos critérios de busca:

- **Nome**. Para a busca por nome que se inicie com os símbolos inseridos, coloque um asterisco no início: «*Ivanov»;
- **ID de paciente**. A busca é realizada da mesma forma que a busca por nome;
- **Parte do corpo**. Insira no campo de texto a parte do corpo. Abaixo do campo são mostrados exemplos de opções para busca por partes do corpo;
- **Número de registo**. A busca é realizada da mesma forma que a busca por nome;
- **Descrição**.

Para buscar análises pela modalidade, clique no botão que corresponda à modalidade. Os botões da modalidade selecionada ficam coloridos. Ao mesmo tempo podem ser selecionadas outras modalidades. Para cancelar a modalidade selecionada, clique no botão mais uma vez.

No painel de busca também estão disponíveis a data de nascimento do paciente, a data de realização da análise ou da importação da análise. Da lista pendente (marcada com o número «3» na Fig. 1.15) seleciona o critério de busca:

- **Por data de estudo**;
- **Por data de mportação**;
- **Por data de nascimento**. Na lista do período da busca (marcado com o número «4» na Fig. 1.15) está disponível apenas a opção «Data exata».

Está disponível a busca por data exata, intervalo de datas ou período, que é selecionado da lista pendente. Da lista pendente (marcada com o número «4» na Fig. 1.15) selecione o período:

- **Todo o tempo**;
- **Hoje**;
- **Ontem**;
- **Semana passada**;
- **Mês passado**;
- **Ano passado**;
- **Data exata**;
- **Intervalo**.

Para buscar por data e intervalo de datas, basta inserir apenas o ano: AAAA-**-**, ano e mês; AAA-MM-** ou data inteira. A data também pode ser selecionada pelo calendário.

Após preencher os campos necessários, clique no botão **«PESQUISAR»** ou pressione a tecla **«Enter»** no teclado. Se o botão **«PESQUISAR»** não estiver ativo, significa que a fonte selecionada de dados está incorreta. Para limpar os critérios de busca, clique no botão **«LIMPAR»**.

A busca por todo o período no servidor PACS pode demorar muito e aumentar a carga no servidor, por isso ao clicar no botão **«PESQUISAR»** é mostrada a mensagem **«Pesquisa por todo o tempo pode demorar algum tempo. Deseja continuar?»** Para realizar a busca, clique no botão **«Sim»**. Para cancelar, no botão **«Não»**.

Se no campo de busca forem inseridos quatro ou mais símbolos, o aviso sobre a busca demorada no servidor PACS não é mostrada, independentemente da data definida da busca.

O servidor PACS pode não suportar a busca por todos os campo e critérios selecionados.

1.7.1 Salvamento dos parâmetros de busca

Para suavizar o processo de busca das análises pelos parâmetros usados com frequência, no DICOM Viewer existe a possibilidade de salvar os parâmetros (presets) de busca de análises.

Para criar um preset com os parâmetros mais usados, realize os seguintes passos:

1. Abra o painel de busca e insira os parâmetros pelos quais a busca deve ser realizada (mais detalhes na Seção 1.7).
2. Clique na seta no botão **«PESQUISAR»** e selecione o item **«Salvar o predifinido»**.
3. Na janela de diálogo **«Criação de preset»** (Fig. 1.16) insira o nome do novo preset.

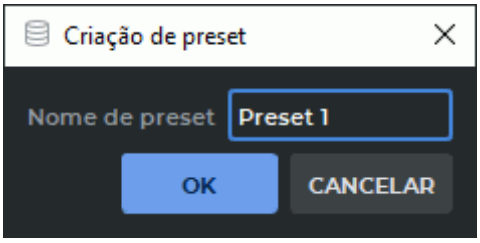


Figure 1.16: Diálogo de criação de novo preset

Clique em **«OK»**, pra criar um novo preset, ou **«CANCELAR»** para cancelar.

No preset são salvos todos os parâmetros atuais do painel de busca.

Para apagar o preset, clique na seta no botão **«PESQUISAR»** e no item do menu **«Remover preset»** selecione o preset que deve ser apagado.

1.7.2 Busca de análises por parâmetros de preset salvo

Para a busca por análises usando os parâmetros do preset previamente salvo, selecione o preset desejado no menu do botão **«PESQUISAR»**. A busca de análises é realizada automaticamente após a seleção do preset.

No painel de busca são mostrados os parâmetros do preset atual. Os parâmetros do preset são exibidos considerando as possibilidades da sua utilização para o repositório selecionado. Por exemplo, se a busca for realizada fora do repositório local, então a busca por data de importação não será possível. Nesse caso, é mostrada uma janela com um aviso sobre a impossibilidade da busca (Fig. 1.17). No painel de busca são removidos os parâmetros do preset atual e a busca não é realizada.

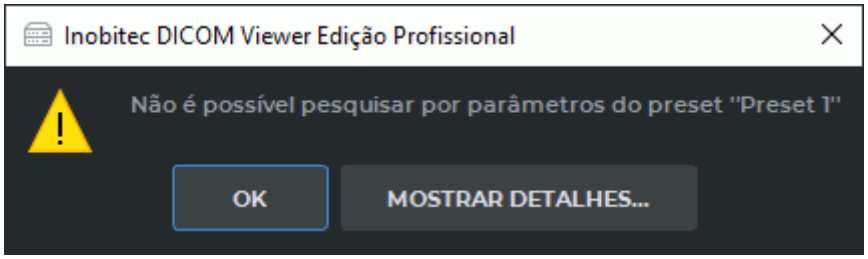


Figure 1.17: Aviso sobre a impossibilidade de realizar a busca

1.8 Painel de seleção do servidor

O painel de seleção do servidor é mostrado na Fig. 1.18.

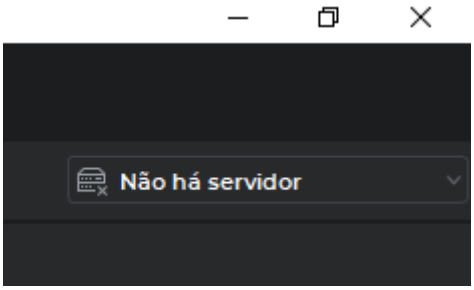


Figure 1.18: Disposição do painel de seleção de servidor na janela do DICOM Viewer

No painel de seleção de servidor é mostrado o servidor no qual é realizada a busca dos dados.

1.9 Painel de análises

No painel de análises é mostrada a lista de análises que se encontram na pasta selecionada, disco, repositório local ou servidor PACS.

O painel de análises é mostrado na Fig. 1.19 (destacado em vermelho).

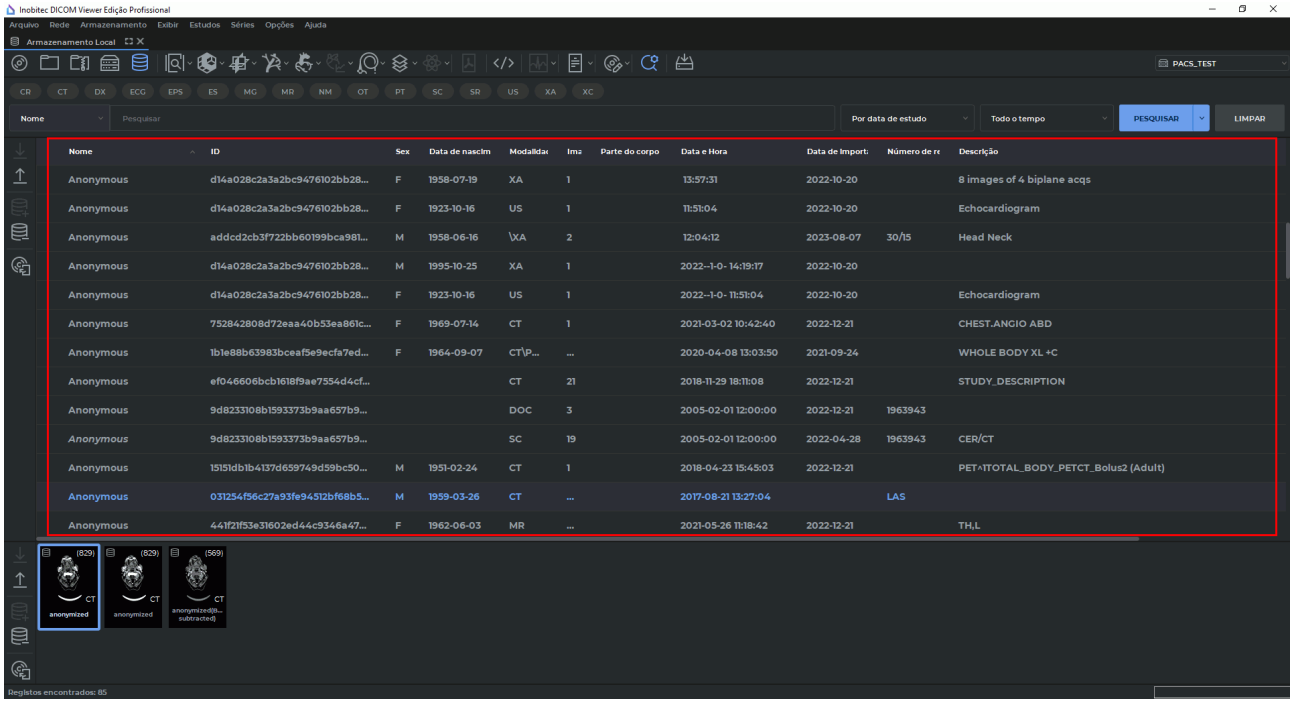


Figure 1.19: Disposição do painel de análises na janela do DICOM Viewer

É possível selecionar várias análises dispostas na lista uma após a outra de duas maneiras:

1. Segurando pressionada a tecla **«Shift»** no teclado, selecionar a primeira a última análise.

2. Segurando o botão esquerdo do teclado, passar o cursor pela análise de interesse.

Para selecionar várias análises dispostas em partes diferentes da lista, selecione-as segurando pressionada a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) no teclado.

1.9.1 Configuração do painel de análises

O DICOM Viewer permite configurar as colunas da tabela, assim como o número.

Para mostrar apenas as colunas necessárias, clique com o botão direito no cabeçalho da tabela. Abrir-se-á um menu com a lista de colunas (Fig. 1.20). As colunas mostradas são marcadas com um marcador. Para marcar/remover o marcador da coluna, clique com o botão esquerdo no seu nome no menu de contexto.

Figure 1.20: Menu de contexto de configuração das colunas da tabela

Configure o tamanho, o tipo da fonte, assim como o estilo (negrito e/ou cursivo) (Seção 16.7.2).

1.9.2 Ordenação das análises

Se forem mostradas mais de uma pesquisa, elas podem ser organizadas por um parâmetro definido. Para isso, clique no cabeçalho da coluna correspondente a esse parâmetro. Por exemplo, para ordenar por data e horário, clique na área destacada em vermelho na Fig. 1.21.

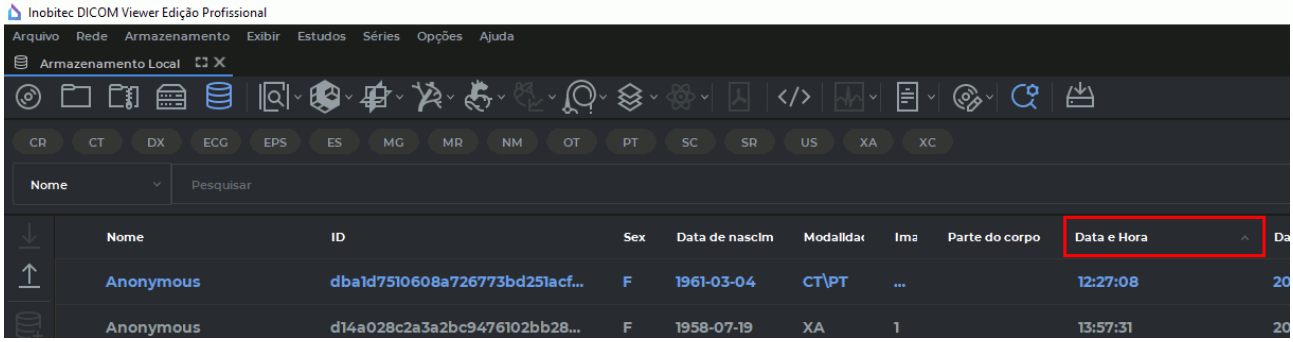


Figure 1.21: Cabeçalho da coluna «Data e Hora»

Ao lado do nome da coluna aparece uma seta que indica a ordem (decrescente para baixo , crescente para cima). Para alterar a ordem da organização, clique duas vezes no cabeçalho da coluna. A ordenação simultânea só é possível por um único parâmetro. Por padrão, as análises são organizadas por nome em ordem crescente.

1.9.3 Edição do nome do paciente e descrição da análise

A edição do nome mostrado do paciente e a descrição da análise são possíveis paras as análises que se encontram no repositório local ou abertas a partir da pasta ou do CD. Os próprios dados, nesse caso, ficam inalteráveis também no servidor PACS. Essa informação não é salva. Por padrão, a edição é proibida. Para permiti-la, marque a opção **«Permitir editar nome de paciente e descrição»** (Seção 16.7.2).

A edição do nome do paciente pode levar a que na hora do diagnóstico seja usada uma análise de outro paciente por engano

Para alterar o nome do paciente ou a descrição da análise, realize as seguintes ações:

1. Clique com o botão direito do mouse na análise no painel de análises. Aparecerá um menu de contexto mostrado na Fig. 1.22.

2. Selecione um dos itens do menu **«Editar nome de paciente»** ou **«Editar descrição»**. O campo correspondente fica disponível para edição e nele será disposto o cursor.

3. Edite o texto.

4. Pressione a tecla **Enter** no teclado ou clique com qualquer botão do mouse na janela do DICOM Viewer mas não no texto editado, para utilizar a edição.

Esses comandos também estão disponíveis no menu **«Estudos»**.

Ao editar, estão disponíveis os comandos do menu de contexto (Fig. 1.23). Para abri-lo, clique com o botão direito do mouse no texto editado.

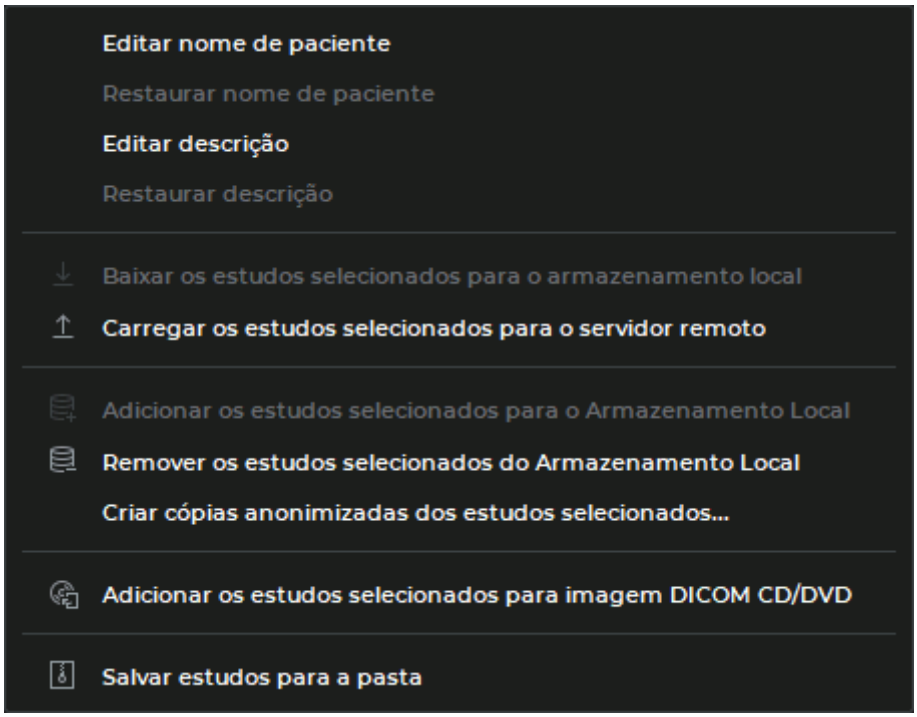


Figure 1.22: Menu de contexto da análise

Figure 1.23: Menu de contexto de edição do nome do paciente e da descrição da análise

Estão disponíveis os seguintes comandos:

- **«Desfazer»** cancela as alterações;
- **«Refazer»** repete a última ação cancelada;
- **«Recortar»** remove o texto selecionado, copiando-o para o buffer de transferência;
- **«Copiar»** copia o texto selecionado para o buffer de transferência;

- **«Colar»** cola o texto do buffer de transferência;
- **«Apagar»** remove o texto selecionado;
- **«Seleccionar Tudo»** seleciona todo o texto editável.

Para restabelecer o nome do paciente e a descrição da análise, clique com o botão direito do mouse na análise no painel de análises e selecione o menu de contexto o comando **«Restaurar nome de paciente»** ou **«Restaurar descrição»** correspondentemente.

Se não for possível realizar o comando, ele é mostrado no menu com cor cinza.

O nome e a descrição do paciente editados são mostrados em letra cursiva após a análise ser selecionada no painel de análises.

1.9.4 Exportar a lista de estudos

Para salvar a lista de análises mostradas no painel de análises para o arquivo do formato CSV, realize os seguintes passos:

1. Selecione o item **«Exportar lista de estudos para CSV...»** no menu **«Estudos»**.
2. No diálogo que se abre (Fig. 1.24) deixe marcadas as colunas das quais se deve exportar os dados e clique em **«OK»** para confirmar ou **«CANCELAR»** para cancelar a ação.
3. No diálogo que se abre, selecione a pasta para o salvamento do arquivo e insira o nome do arquivo. Clique em **«Salvar»** para salvar ou **«Cancelar»** para cancelar a ação.

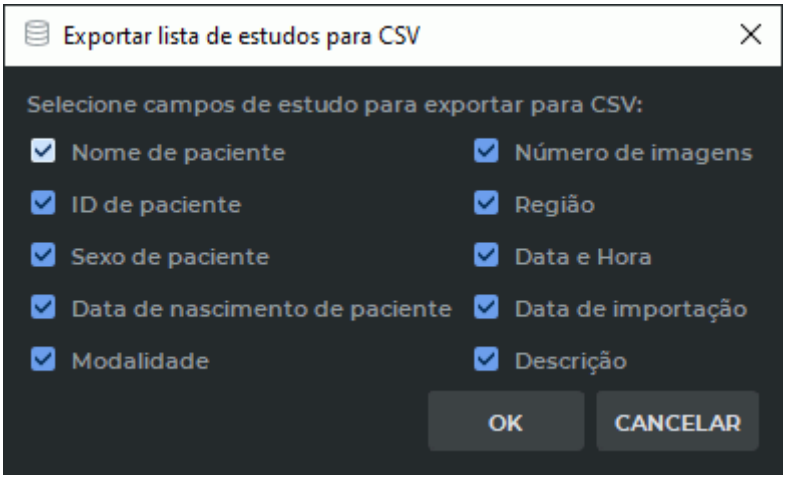


Figure 1.24: Diálogo de seleção de campo da exportação para arquivo CSV

Um arquivo de lista de estudos no formato CSV é um arquivo de texto que armazena a tabela. As colunas da tabela são separadas por vírgulas. O arquivo pode ser aberto em qualquer editor de texto.

É mais conveniente visualizar e analisar os dados do arquivo CSV em programas de planilha eletrônica (Microsoft Excel, LibreOffice Calc, etc.).

Para abrir corretamente um arquivo CSV em um programa de planilha eletrônica, siga estes passos (exemplo do LibreOffice Calc):

1. Execute o programa de planilha eletrônica.

2. Na caixa de diálogo do aberto do documento, selecione o arquivo CSV e clique **«Abrir»**.

3. Na caixa de diálogo **«Importar texto»**, defina as seguintes opções:

   - no bloco **«Parâmetros do separador»**, defina o separador de campo. Para nosso arquivo, isso é uma vírgula;
   - no bloco **«Campos»**, selecione todas as colunas da caixa de visualização dos dados importados. Selecione o tipo de coluna de texto na lista suspensa.

4. Clique **«OK»** para abrir o documento ou **«Cancelar»** para cancelar.

1.10 Painel de séries

O painel é mostrado na Fig. 1.25 (destacado em vermelho). Selecione a análise no painel de análises para ver a lista de séries para ela. A primeira série é selecionada automaticamente.

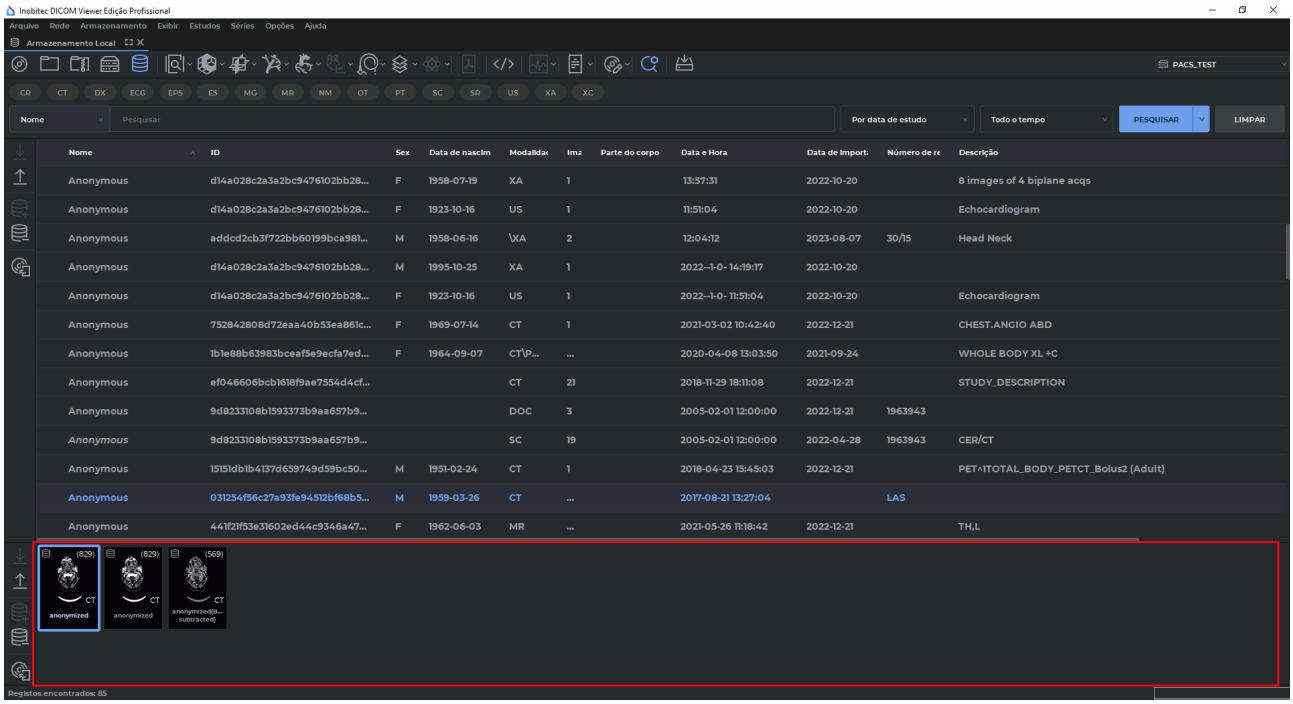


Figure 1.25: Disposição do painel de séries do DICOM Viewer

A seleção de várias séries é semelhante à seleção de várias análises 1.9). Ao selecionar várias séries com o movimento do mouse, comece a seleção quando o cursor do mouse se encontrar em cima do pictograma da série.

1.11 Painéis de carregamento/descarregamento de análises e séries

Os painéis são mostrados na Fig. 1.26 (destacados em vermelho e verde). Os dados do painel estão identificados completamente com exceção de que um painel permite as ações com as análises, e o segundo, com as séries.

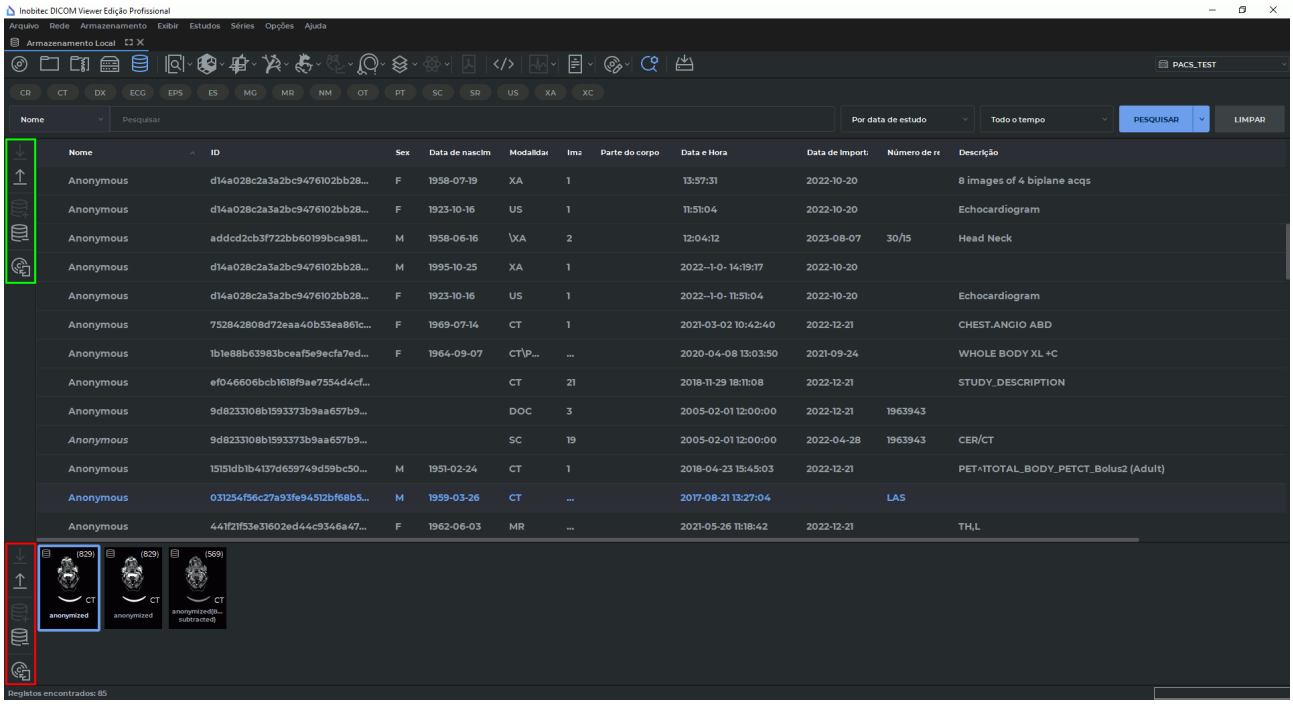


Figure 1.26: Disposição dos painéis de carregamento/descarregamento de análises e séries na janela do DICOM Viewer

Botões do painel de carregamento/descarregamento de séries:

	O botão **«Baixar as séries selecionadas para o armazenamento local»** descarrega as séries do servidor PACS para o repositório local.
	O botão **«Carregar as séries selecionadas para o servidor remoto»** carrega as séries selecionadas para o servidor PACS.
	O botão **«Adicionar as séries selecionadas para o Armazenamento Local»** adiciona as séries selecionadas para o repositório local.
	O botão **«Remover as séries selecionadas do Armazenamento Local»** apaga as séries selecionadas do repositório local.
	O botão **«Adicionar as séries selecionadas para imagem DICOM CD/DVD»** adiciona a série ao editor de discos CD/DVD. O trabalho com o editor está descrito no Capítulo 15.

Se a ação contida no botão não puder ser realizada, o botão é mostrado acinzentado e não é possível clicar nel.

O trabalho com o painel de carregamento/descarregamento de análises é igual.

Essas ações estão disponíveis no menu principal **«Estudos»** e **«Séries»**, e para as análises também no menu de contexto da análise.

1.12 Painel de informações

O painel é mostrado na Fig. 1.27 destacado em vermelho). Na sua parte esquerda é mostrado o status da última operação realizada. Na parte direita, simultaneamente com outras fontes suportadas, (Servidor DICOM< tomografia ou outro DICOM Viewer) é mostrada a barra de progresso para a ação atual e a indicação da descarregamento/carregamento de dados. Na Fig. 1.28 é mostrada a descarregamento de dados do servidor.

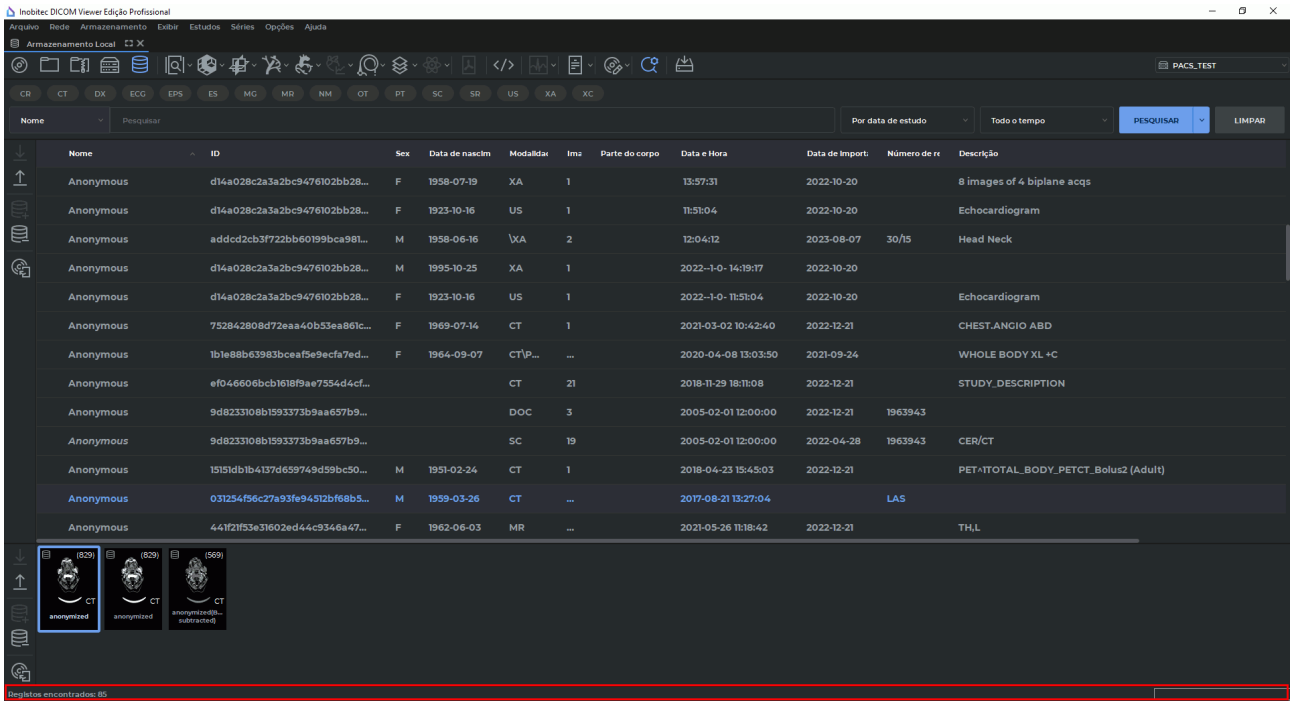


Figure 1.27: Disposição do painel de informações na janela do DICOM Viewer

Figure 1.28: Painel de informações. Descarregamento de dados do servidor

Ao descarregar os dados, é mostrado o símbolo animado , ao carregar — . Se o carregamento e o envio de dados não ocorrer, a barra de progresso e os símbolos não são mostrados.

1.13 Desempacotamento de séries

Essa funcionalidade permite desempacotar dados comprimidos e salvar nesse formato. Isso permite resolver problemas com a visualização e carregamento de dados comprimidos para vários servidores. O desempacotamento é possível apenas para análises que se encontram no repositório local.

Para desempacotar dados comprimidos, realize as seguintes ações:

1. Abra a análise do repositório local que contém os dados comprimidos.
2. Selecione as séries que devem ser desempacotadas. O trabalho com o painel de séries é descrito na Seção 1.10.
3. Selecione na seção **«Séries»** do menu principal o comando **«Criar cópia descompactada de série»**. As séries selecionadas são desempacotadas e salvas no repositório local com o marcador «uncompressed» (descomprimido).

1.14 Botões de gestão de ferramentas

A partir da versão 2.0, para ativar as ferramentas, podem-se utilizar o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse, o que dá a possibilidade de ativar até 3 ferramentas ao mesmo tempo. Para ativar a ferramenta, clique na parte esquerda do botão com o botão desejado do mouse. A ferramenta pode ser desativada de duas maneiras:

1. Ativando outra ferramenta com o mesmo botão do mouse.
2. Clicando na parte esquerda do botão da ferramenta com o mesmo botão do mouse.

No botão da ferramenta ativada, aparece uma imagem esquemática do mouse com a botão destacado (Fig. 1.29).

Figure 1.29: Ferramentas ativadas com o botão esquerdo, do meio e direito do mouse (da esquerda para a direita)

Se a ferramenta for ativada por uma tecla de atalho, ela é vinculada ao botão esquerdo do mouse.

Se a configuração for realizada com a quantidade de cliques (por exemplo, dois para régua, 3 para medição de ângulos), então a configuração é concluída após a quantidade correspondente de cliques. Se a configuração puder conter uma quantidade sem limites de

pontos (polígono, linha curva no MPR), então para concluir a configuração, deve-se clicar duas vezes com o botão do mouse usado para ativar a ferramenta.

As configurações feitas com a ferramenta, são editadas:

- com o botão do mouse com o qual a ferramenta atual está ativada;
- com o botão esquerdo do mouse independentemente da ferramenta estar ativada.

Com um clique com o botão direito na configuração, aparece o menu de contexto.

As medições e os marcadores são ativados ao colocar o cursor do mouse sobre eles. Nesse caso, pode-se mover os marcadores ou editar as medições.

1.15 Controle de gestos no monitor de tela sensível ao toque

O controle por gestos de toque não é compatível com sistemas operacionais macOS.

Os gestos de toque permitem que você execute várias ações em monitores de toque (multitoque) usando movimentos dos dedos. Os gestos de toque, dependendo do número de pontos de toque usados para interagir com o monitor, são divididos em os de toque único e os de multitoque.

Gestos de toque único são gestos realizados com um dedo (um ponto de toque) em ecrã tátil. Veja abaixo os exemplos de gestos de toque único:

Ação	Gestos de toque único
Selecão ou ativação de uma ferramenta	Toque na tela com um dedo
Movimentação do controle deslizante da barra de rolagem	Toque no controle deslizante na barra de rolagem e mova-o na direção desejada
Chamada do menu contextual	Toque e segure o dedo na ecrã por um tempo

Gestos multitoque são gestos executados simultaneamente por vários dedos (dois ou mais pontos de toque) em ecrã tátil. Veja abaixo os exemplos de gestos multitoque suportados pelo DICOM Viewer.

Ação	Gestos multitoque
Como mover uma imagem, segmento de dados ou modelo	Deslize dois dedos pela tela em uma direção
Como dimensionar uma imagem, segmento de dados ou modelo	Para diminuir o zoom, junte dois dedos na tela, para aumentar o zoom, abra os dedos

Ação	Gestos multitoque
Como girar uma imagem, segmento de dados ou modelo	Passe dois dedos ao redor do centro de um círculo imaginário ou use um dedo para descrever um arco enquanto segura o outro dedo no ponto com o centro imaginário do círculo
Como alterar a largura e o nível da janela (W/L)	Para alterar a largura da janela, deslize para a esquerda ou para a direita com três dedos na tela, para alterar o nível da janela, deslize com dedos para cima ou para baixo

Por padrão, está ativado o suporte de gestos multitoque em sistemas operacionais da família de Windows e desativado em outros sistemas operacionais. Detalhes da configuração de gestos de toque são proporcionados na Seção 16.5.4.

O DICOM Viewer suporta gestos de toque nas seguintes janelas de guias: **«Visualizador de imagens»**, **«Reconstrução MPR»**, **«Reconstrução volumétrica»**, **«Análise PET»** e **«Endoscopia virtual»**.

Dependendo das configurações de alguns sistemas operacionais, os gestos de toque podem não estar disponíveis. Por exemplo, no Windows 11, o gesto de toque para alterar a largura e o nível da janela (W/L) pode não funcionar porque o gesto padrão é usado pelo sistema para alternar entre aplicativos. Para uma operação correta, desative os gestos de três dedos nas configurações de entrada de toque do sistema operacional.

O Linux usa drivers integrados por padrão para oferecer suporte a dispositivos com tela sensível ao toque. Isso pode fazer com que os gestos de toque não funcionem corretamente.

Chapter 2

Visualização de imagens planas

Para exibir as densidades dos tecidos são usados 256 níveis de cinza ou claro. Já que os valores dos tecidos podem ser maiores que 256, então os valores próximos são exibidos com uma cor. Para diferenciar visualmente os valores próximos, deve-se diminuir a largura da janela. Nesse caso, os 256 tons de cinza corresponderão a menos valores de densidades. Se necessário, defina o valor do nível de janela necessário.

A definição do diagnóstico na janela de visualização de imagens planas é possível apenas com base nas séries com as modalidades CT, MR, MG, XA

2.1 Abertura de série

Selecione a análise no painel de análises. É possível abrir a série de 5 maneiras:

- Clicando no botão **«Visualizador de imagens»** no painel de ferramentas.
- Clicando duas vezes com o botão esquerdo do mouse no nome da análise no painel de análises.
- Clicando duas vezes com o botão esquerdo do mouse na miniatura da série no painel de séries.
- Movendo a miniatura da série para o painel de análises, segurando pressionado o botão esquerdo do mouse.
- Chamando o menu de contexto com o botão direito do mouse na miniatura da série e selecionando uma das opções no item **«Visualizador de imagens»**.

A série se abre em uma nova aba.
É possível abrir a série a partir da janela do explorador de arquivos de três maneiras:

- arrastando a pasta com a análise do explorador para a aba da lista de análises. Abrir-se-á uma nova aba da lista de análises. Na nova aba de visualização de imagens planas se abre a primeira série da análise;

- arrastando a pasta com a análise do explorador de arquivos para a raiz da aba de visualização de imagens planas. Nessa aba, em uma nova janela se abre a primeira série da análise;

- No menu de contexto, selecione **«Abrir com o Inobitec DICOM Viewer <Edição> <Versão> »** ao clicar com o botão direito do rato na pasta selecionada no Explorer (consulte a Secção 1.5.4). Esta função só está disponível nos sistemas operativos Windows.

As séries de modalidades de ECG (ver Capítulo 11) e as séries que contêm protocolos (ver Capítulo 18) abrem-se nos respetivos separadores. Os documentos em formato PDF são abertos num software de terceiros instalado no sistema operativo do utilizador. As séries que não estão em conformidade com a norma DICOM ou as séries para as quais não existem separadores especiais são abertas no separador «Mostrar as tags da imagem».

Se necessário, altere a ordem da organização das imagens. Para isso, clique com o botão direito na imagem, selecione no menu de contexto o item **«Classificação de imagem»** e no submenu, selecione um dos valores:

- **«Sem classificação»**. A organização não é feita, e a sequência das imagens corresponde à sequência de leitura dos arquivos;

- **«Classificar pelo número da imagem»**. As imagens são organizadas apenas pelo número da imagem;

- **«Classificar pela posição e fase da imagem»**. As imagens são organizadas pelo número da imagem e pela fase.

O valor atual é destacado por um marcador. A ordem da organização por padrão pode ser alterada nas configurações (Seção 16.7.1, parâmetro **«Classificar por»**).

Na parte esquerda da janela é mostrado o painel das séries. Para esconder/mostrá-lo, selecione no menu principal **«Imagem»** o comando **«Lista de séries rápidas»** ou coloque o cursor sobre o limite do painel para que ele assuma a aparência e, pressionando o botão esquerdo do mouse, mova o limite do painel. O painel de séries é mostrado na Fig. 2.1.

O DICOM Viewer permite abrir ao mesmo tempo várias séries, assim como uma série várias vezes. Todas as séries são abertas na mesma aba em janelas diferentes. Sua disposição depende das configurações descrita na Seção 2.10.

A miniatura da janela selecionada da guia **«Visualizador de imagens»** é destacada com uma borda azul no painel da série. Se a miniatura da janela da série destacada estiver fora da área de exibição do painel da série, a deslocação automática para a miniatura da janela selecionada é executada.

Figure 2.1: Painel de séries

Para abrir a série selecionada na janela de reconstrução volumétrica ou multiplanar, lique com o botão correspondente **«Reconstrução volumétrica»** ou **«Reconstrução MPR»** no painel de ferramentas.

2.2 Abrir série com as configurações atuais

O DICOM Viewer permite abrir uma série da análise atual com as configurações de largura e nível da janela feitas para a série já aberta. Para isso, realize os seguintes passos:

1. Abra uma série da análise e configure para ela a largura e o nível da janela.
2. Selecione toda a janela da análise, clicando com o botão esquerdo do mouse no cabeçalho da janela (mostrado com uma seta na Fig. 2.2).
3. Abra outra série ou a mesma da análise. Ela será mostrada com os mesmos valores de largura e altura da janela.
4. Se necessário, repita os passos 2 e 3. São utilizadas as configurações da primeira série aberta.
5. Se necessário, altere as configurações de largura e altura da janela para a primeira série aberta.

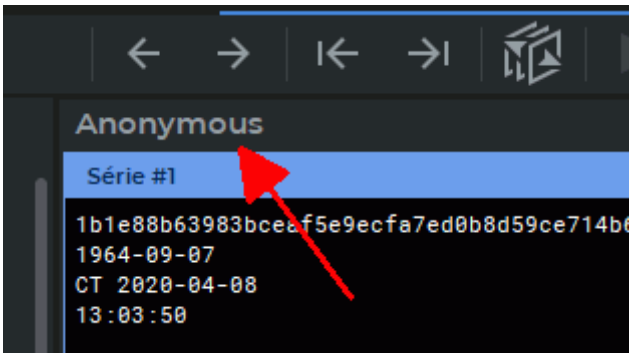


Figure 2.2: O cabeçalho da janela da análise é indicado por uma seta

2.3 Menu de contexto do separador Visualizador de imagens

O menu de contexto está disponível no separador **«Visualizador de imagens»** (Fig. 2.3). Para aceder ao menu de contexto, clique com o botão direito do rato na janela do visualizador de imagens.

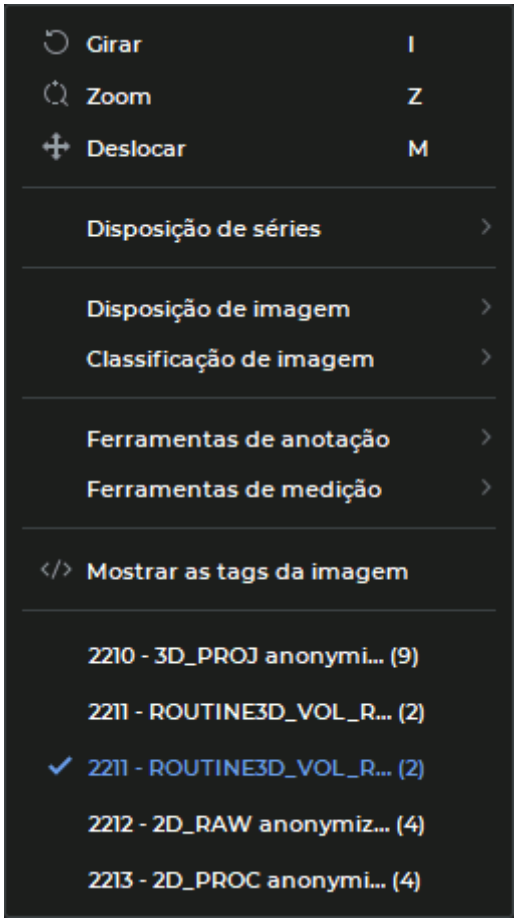


Figure 2.3: O menu de contexto do separador «Visualizador de imagens»

O menu de contexto do separador **«Visualizador de imagens»** contém:

- ferramentas para alterar a escala e a posição da imagem (consulte a Secção 2.16);
- definições de colocação de séries (ver Secção 2.10);
- definições de colocação de imagens (ver Secção 2.11);
- definições da ordem de ordenação da imagem (ver Secção 2.1);
- ferramentas de anotação gráfica (consulte a Secção 2.33);
- ferramentas de medição (consulte a Secção 2.19);
- o comando de abertura da guia de visualização de tags DICOM da série atual (consulte o Capítulo 17);
- a lista de séries do estudo atual que contém imagens.

Para exibir a lista de séries no menu de contexto do separador **«Visualizador de imagens»**, ative a opção **«Mostrar lista de séries no menu de contexto»** nas definições do programa (consulte a Secção 16.7.1). A opção está ativada por predefinição.

Na lista, as séries são apresentadas como:
<Número da série a partir de etiquetas DICOM> - <Descrição da série> (<Número de imagens>).

Por exemplo: *1000 - Anonymized (200)*. A série atual é destacada na lista.

Para alternar para a série desejada, clique com o botão esquerdo do rato no seu nome na lista.

A lista de séries apenas é apresentada no menu de contexto se a janela com imagens estiver selecionada. Se a janela do estudo ou a janela da série SR estiverem selecionadas, o menu de contexto é apresentado sem a lista de séries.

2.4 Detalhes do trabalho com vários monitores e tela divida

O DICOM Viewer permite dividir o monitor em duas partes. E se houver dois monitores conectados ao monitor, agir nos dois monitores. A configuração de monitores está descrita na Seção 16.5.

Vamos analisar o caso em que ambos monitores estão ativos e cada monitor está dividido (Fig. 2.4). Nesse caso, o DICOM Viewer abre em 4 janelas autônomas. Para fechar o DICOM Viewer, basta fechar qualquer uma das janelas.

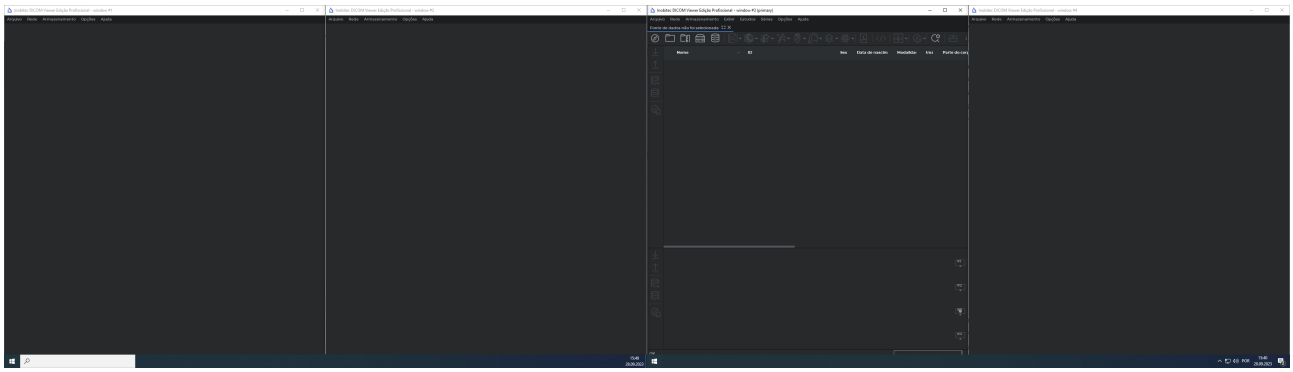


Figure 2.4: DICOM Viewer no modo de 2 telas divididas. O monitor direito é o principal

Nessa figura, o monitor direito é o principal, por isso na sua janela esquerda está aberta a aba **«Lista de estudos»**. Para abrir essa aba em qualquer uma das janelas restantes, selecione na janela o menu **«Arquivo»** e o item **«Lista de estudos»**.

No painel das séries na parte direita há um painel de janelas (Fig. 2.5).

Figure 2.5: Painel de janelas

Um símbolo de monitor corresponde a cada janela.

- o primeiro símbolo corresponde à janela esquerda do monitor principal;
- o segundo símbolo à janela direita do monitor principal;
- o terceiro símbolo à janela esquerda do monitor auxiliar;
- o quarto símbolo à janela direita do monitor auxiliar.

O monitor principal é definido pelas configurações do sistema operacional. O símbolo que corresponde à janela atual é mostrado em um fundo claro. Na Fig. 2.6 em cada janela está

aberta a aba **«Lista de estudos»** e visíveis as correspondências das janelas aos símbolos de monitores. O monitor da direita é o principal.

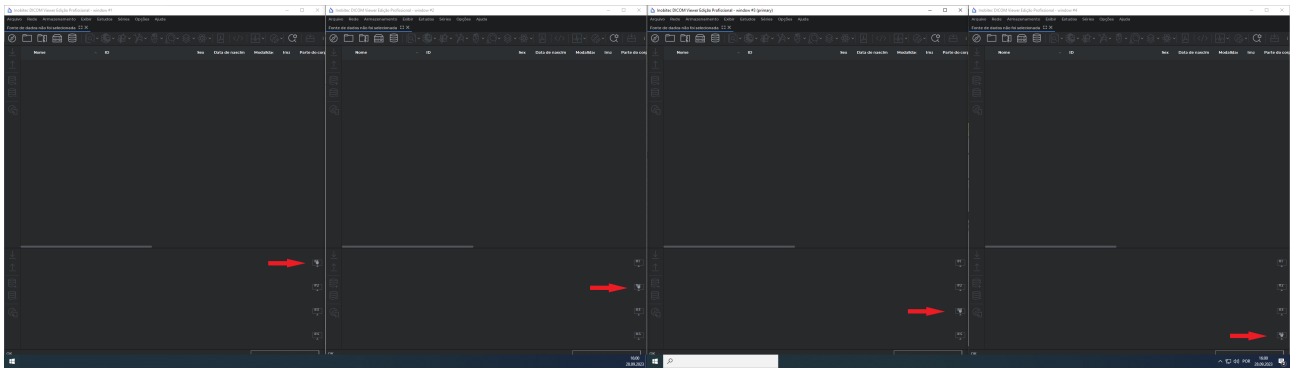


Figure 2.6: Correspondência dos símbolos de monitores nos painéis de séries para as janelas abertas

Para abrir uma série em uma janela específica, realize as seguintes ações:

1. Carregue as análises em qualquer aba.

2. Selecione a análise no painel de análises.

3. Pressionando o botão esquerdo do mouse, mova a miniatura da série do painel de séries para o símbolo do monitor no painel de janelas correspondente à série que deve ser aberta.

4. Solte o botão esquerdo do mouse. A série é aberta na janela correspondente ao símbolo do monitor.

Se o cursor do mouse não se encontrar sobre o símbolo do monitor, ele possuirá a aparência . Isso significa que a movimentação não é possível. Assim que o cursor do mouse for colocado sobre o símbolo do monitor, ele assume a aparência e a movimentação torna-se possível.

2.5 Seleção do filtro de interpolação

Para alterar o filtro de interpolação, selecione na seção **«Imagem»** do menu principal, o comando **«Filtro de interpolação»** e no submenu que se abre, selecione o filtro desejado. O filtro atual é mostrado com um marcador (Fig. 2.7)

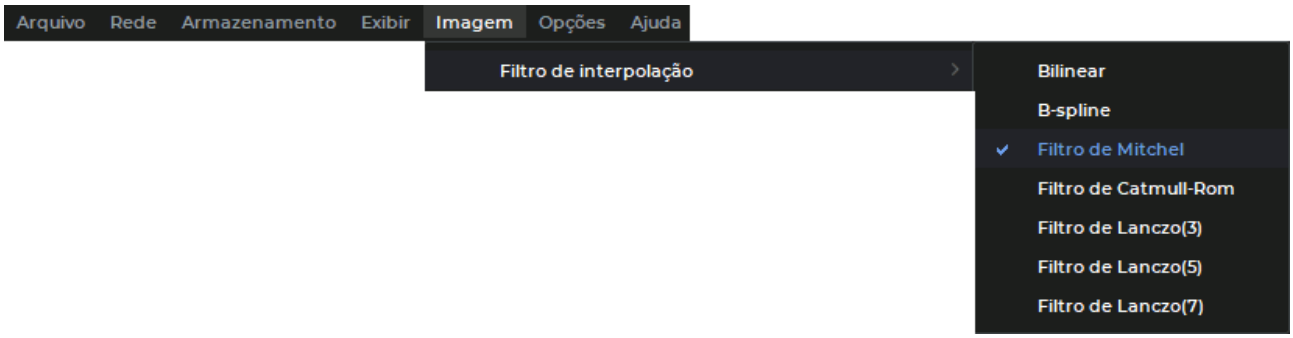


Figure 2.7: Menu de seleção do filtro de interpolação

Para seleção estão disponíveis os seguintes filtros:

- Bilinear;
- B-spline;
- Filtro de Mitchel;
- Filtro de Catmull-Rom;
- Filtro de Lanczo(3);
- Filtro de Lanczo(5);
- Filtro de Lanczo(7).

Por padrão está definido o Filtro de Mitchel.

Ao utilizar filtros diferentes do bilinear, são possíveis as distorções. No caso de aparecimento de artefatos suspeitos deve ligar o filtro linear

2.6 Filtros de imagem

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Um filtro é um algoritmo que transforma a apresentação visual de uma série de imagens no visualizador de imagens, aplicando-lhes diferentes efeitos. No DICOM Viewer podem ser aplicados filtros com efeitos de desfocagem, nitidez e redução de ruído.

Os filtros para processamento de imagens estão disponíveis no separador **«Visualizador de imagens»**, **«Reconstrução MPR»**, **«Análise de vasos»** e **«Análise das artérias coronárias»**.

2.6.1 Filtros predefinidos

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Para selecionar e aplicar um filtro predefinido no separador **«Visualizador de imagens»**, selecione o menu principal **Imagem**->**Filters**. Selecione o filtro pretendido na lista de filtros do menu.

Estão disponíveis os seguintes filtros predefinidos com os respetivos parâmetros:

- **«Desfoque 1»** (Sigma=1);
- **«Desfoque 2»** (Sigma=1.5);
- **«Desfoque 3»** (Sigma=2);
- **«Ajustar nitidez 1»** (Sigma=1; Nível de nitidez=0.5);
- **«Ajustar nitidez 2»** (Sigma=1; Nível de nitidez=0.7);
- **«Ajustar nitidez 3»** (Sigma=1; Nível de nitidez=0.9);
- **«Mediano 1»** (Raio=1);
- **«Mediano 2»** (Raio=2);
- **«Mediano 3»** (Raio=3).

No separador **«Visualizador de imagens»**, o filtro é aplicado à janela selecionada. Se for selecionada uma janela de série, o filtro é aplicado a toda a série; se for selecionada uma janela de estudo, o filtro é aplicado a todas as séries desse estudo.

Só é possível aplicar um filtro a uma janela de série realçada. O filtro atual é destacado na lista de filtros do menu principal a azul e marcado com uma bandeira.

Se um filtro for aplicado à imagem, os resultados da medição da ROI e o valor da intensidade de um ponto são exibidos «*», no canto inferior esquerdo da janela à qual o filtro é aplicado. Os resultados da medição dependem do filtro aplicado.

Uma imagem com um filtro aplicado não é uma imagem original. Os resultados da medição podem ser incorretos.

Os filtros predefinidos são alternados ciclicamente (ver Secção 2.6.3).

Depois de fechar a janela o filtro predefinido e reposto.

2.6.2 Filtros personalizados

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

O DICOM Viewer permite ao utilizador personalizar filtros com parâmetros individuais. Na lista de filtros do menu principal do programa, estão disponíveis: Três filtros personalizados:

- **«Desfoque»**;
- **«Ajustar nitidez»**;
- **«Mediano»**.

Para ajustar os parâmetros e aplicar um filtro personalizado, clique na bandeira.
Na caixa de diálogo que se abre, defina os parâmetros:

- para o filtro **«Desfoque»**:
  - parâmetro **«Sigma»**. A gama de valores do parâmetro varia entre 0,01 e 5,0, com um aumento de 0,01. O valor predefinido é 0,01;
- para o filtro **«Ajustar nitidez»**:
  - parâmetro **«Sigma»**. A gama de valores do parâmetro varia entre 0,01 e 5,0, com um aumento de 0,01. O valor predefinido é 0,01;
  - parâmetro **«Nível de nitidez»**. O intervalo de valores do parâmetro é de 0,01 a 0,99; com um aumento de 0,01. O valor predefinido é 0,01;
- para o filtro **«Mediano»**:
  - parâmetro **«Raio»**. A gama de valores do parâmetro é de 1 a 5; passo 1. O valor predefinido é 1.

A Fig. 2.8 mostra a janela de diálogo das definições do filtro **«Ajustar nitidez»** personalizado.

Figure 2.8: Caixa de diálogo de configuração do filtro personalizado de «Ajustar nitidez»

Pode definir valores de parâmetros na caixa de diálogo Filtros personalizados de várias formas de várias maneiras:

- movendo a barra deslizante ou rodando a roda do rato quando o cursor está sobre a respetiva opção;
- introduzir o valor do parâmetro no campo à direita do cursor.

A alteração dos parâmetros na caixa de diálogo de configuração do filtro personalizado é apresentada na janela de visualização em direto. Fechar a caixa de diálogo não desliga o filtro do utilizador atual.

Os valores dos parâmetros são guardados e aplicados à próxima seleção do filtro personalizado.

2.6.3 Ações com filtros

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Existem várias formas de ativar um filtro:

- colocar a bandeira no filtro selecionado na lista de filtros do menu principal;
- premir a tecla de atalho definida para o filtro. Por predefinição, as «teclas de atalho» para os filtros não estão definidas. Consulte a Secção 16.8 para obter mais informações;
- alterne ciclicamente o filtro atual usando os comandos na lista de filtros do menu principal ou as teclas de hot lindas correspondentes.

Para passar para o filtro seguinte ou anterior, proceda da seguinte forma:

- na lista de filtros do menu principal, selecione o comando**«Próximo filtro»>** para alternar para o próximo filtro ou **«Filtro anterior»** para alternar para o filtro anterior;
- clique no teclado Uma combinação de chaves **Ctrl+I** (**Command+I** para o macOS), para alternar para o próximo filtro ou **Ctrl+Shift+I** (**Command+Shift+I** para o macOS) para mudar para o filtro anterior.

Os filtros predefinidos são alternados ciclicamente. Quando se chega ao último filtro da lista, passa-se para o primeiro. Ao mesmo tempo, ocorre uma mudança. Não ocorre para filtros personalizados.

Existem várias formas de repor o filtro atual:

- na lista de filtros do menu principal, desmarcar a caixa junto ao filtro definido;
- na lista de filtros do menu principal, selecionar o comando **«Redefinir filtro»**;
- premir a combinação de teclas **Shift+I** no teclado.

A cada filtro pode ser atribuída a sua própria “tecla de atalho” (ver Secção 16.8).

2.7 Visualização das imagens da série

Quando a série se abre, na janela de visualização de séries é mostrada a sua primeira imagem.

A janela de visualização é apresentada na Fig. 2.9.

Nos separadores **«Visualizador de imagens»** e **«Tabelas de consulta de cores»**, no cabeçalho da janela de visualização de séries, são apresentadas informações no formato:
Série #<Número da série no estudo> (<número da série dos dados DICOM>). Por exemplo, **Série #3 (201)**.

O valor entre parêntesis é especificado pela etiqueta *SeriesNumber(0020,0011)*. Se o valor da etiqueta *SeriesNumber(0020,0011)* estiver ausente, o título da janela de visualização de séries apresentará apenas o número da série.

Para as séries cronológicas obtidas como resultado da fusão numa série multifásica ou fundida, o número de série dos dados DICOM não é apresentado.

Na parte direita da janela de visualização existe uma barra de deslocação para percorrer as imagens da série (indicada por uma seta verde). Se a série contiver várias fases ou for multiframe, a parte superior da janela de visualização exibe adicionalmente uma barra de rolagem de fases (indicada por uma seta verde). É apresentada adicionalmente uma barra de deslocação de fases ou fotogramas (indicada por uma seta vermelha) na parte superior da janela de visualização. A janela apresenta informação sobre a imagem atual (consulte a Secção 2.30).

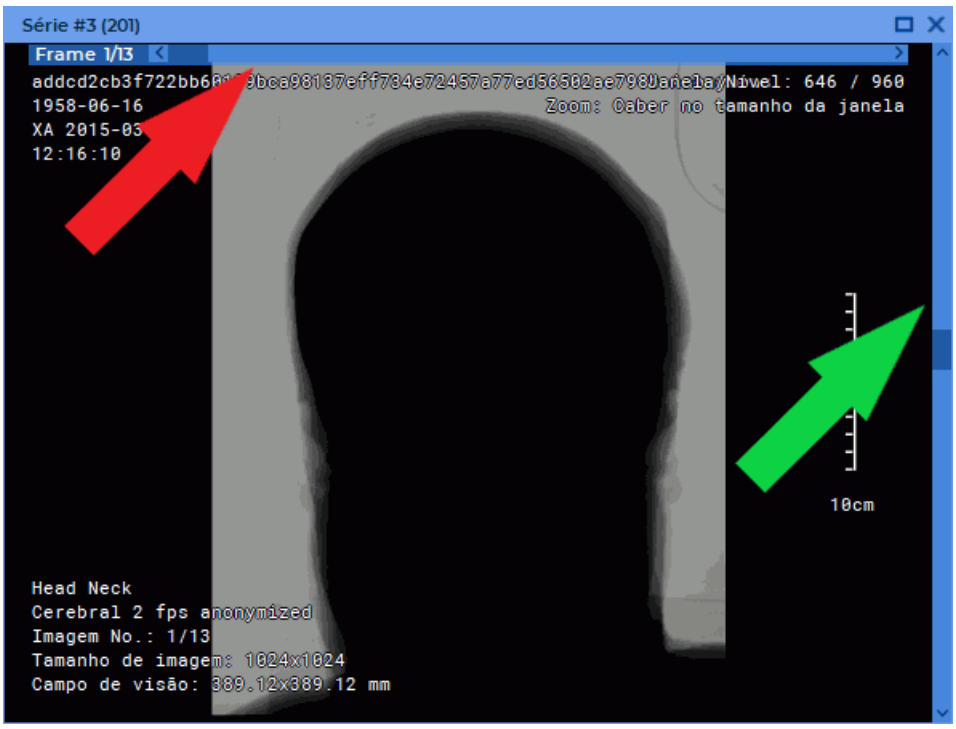


Figure 2.9: Janela de visualização de séries

A navegação para outra imagem é feita de 6 formas:

- movendo a roda do mouse. De si (navegação para a imagem anterior para si) à próxima. 1 clique da roda do mouse altere a posição da primeira imagem;

- utilizando a barra de rolagem na parte direita da janela da série. Movimente o cursor da barra de rolagem para ir para a imagem necessária. Para alterar a posição para uma imagem, basta clicar com o botão esquerdo do mouse na seta ou na barra acima ou abaixo do cursor;

- com um clique do botão esquerdo na imagem com a tecla **Shift** pressionada. Se a imagem atual for a última da série, então o clique realiza a movimentação para a primeira imagem. Da mesma forma ocorre a movimentação para a primeira imagem com o clique do botão esquerdo do mouse pressionando a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS);

- com a ferramenta **«Rolar»**. Ative a ferramenta clicando no botão como botão esquerdo, direito ou do meio do mouse e mova o cursor para baixo para navegar para a próxima imagem e acima para a anterior, mantendo pressionado o botão do mouse que foi usado para ativar a ferramenta. Mais detalhes sobre a gestão de ferramentas na Seção 1.14. Se não for possível percorrer as imagens na janela de visualização, a ferramenta para percorrer os fotogramas.

- movendo o rato para cima e para baixo com o botão esquerdo premido. A ferramenta **«Rolar»** é atribuída ao botão esquerdo do rato e funciona sem ser necessário premir o botão na barra de ferramentas. A definição da ligação por defeito da tecla do rato para a operação **«Deslizar imagens»** é feita no separador **«Controladores»** do módulo **«Visualizador de imagens»** (ver Secção 16.7.1);

- com a ajuda dos botões no painel de ferramentas ← , → .

2.8 Navegação entre séries

A navegação entre as séries na janela de visualização de séries ocorre de 2 maneiras

- Com a ajuda dos botões no painel de ferramentas: |← , →| .

- Através do menu de contexto: clique com o botão direito do rato sobre a imagem e selecione a série da lista do estudo atual (ver Secção 2.3.

2.9 Visualização de várias análises ao mesmo tempo

É possível abrir várias análises ao mesmo tempo de duas formas:

1. Da janela do programa:
   (a) Abra a análises, abrindo qualquer série dela.
   (b) Vá para a aba com a lista de análises.
   (c) Selecione qualquer análise e arraste-a da sua série para a raiz da aba com a análise já aberta (destacada em vermelho na Fig. 2.10).
2. Da pasta do explorador de arquivos:
   (a) Abra a análise, abrindo qualquer série dela.
   (b) Selecione a pasta com outra análise e arraste-a do explorador de arquivos para a raiz da aba com a análise já aberta (destacada na Fig. 2.10). Abre-se a primeira série da outra análise.
3. A partir da lista de estudos:
   (a) Selecione vários estudos na lista (ver secção 1.9).
   (b) Clique no botão na barra de ferramentas ou na combinação de teclas **Alt+I** (**Option+I** para o macOS). Os estudos selecionados abrir-se-ão num novo separador **«Visualizador de imagens»**. As séries são abertas de acordo com as predefinições de colocação de séries (ver Secção 2.10).

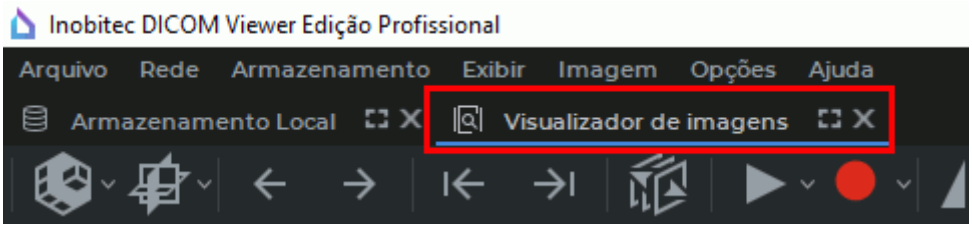


Figure 2.10: Espinha dorsal do separador do visualização de análises

Os episódios abrem no mesmo separador, mas em janelas de visualização diferentes. A primeira série cada estudo abre numa janela de separador separada. Os estudos podem ser abertos a partir de qualquer fonte de dados (armazenamento local, pasta, ficheiro zip,disco compacto ou servidor PACS). A seleção de uma fonte de dados é descrita na Secção 1.5.

As séries de modalidades de ECG (ver Capítulo 11) e as séries que contêm protocolos são abertas nos respetivos separadores (ver Capítulo 18). Os documentos em formato PDF são abertos num software de terceiros instalado no sistema operativo do utilizador. Estas séries não podem ser abertas no separador «Visualizador de imagens»

As séries SR que contêm protocolos, quando abertos no servidor PACS, abre na janela de visualização de relatórios estruturados. Para visualizar os protocolos na janela do editor, é necessário descarregar a série ou o estudo de interesse para o armazenamento local.

Existem várias formas de expandir qualquer uma das janelas da série para ecrã total e restaurar o seu tamanho:

- clique no botão ☐ **«Expandir»** no canto superior direito da janela da série;
- clique duas vezes com o botão esquerdo do mouse no cabeçalho da janela da série;
- clique duas vezes com o botão esquerdo do mouse dentro da janela da série.

À direita é mostrado o painel de séries. As séries são agrupadas por análises (Fig. 2.11).

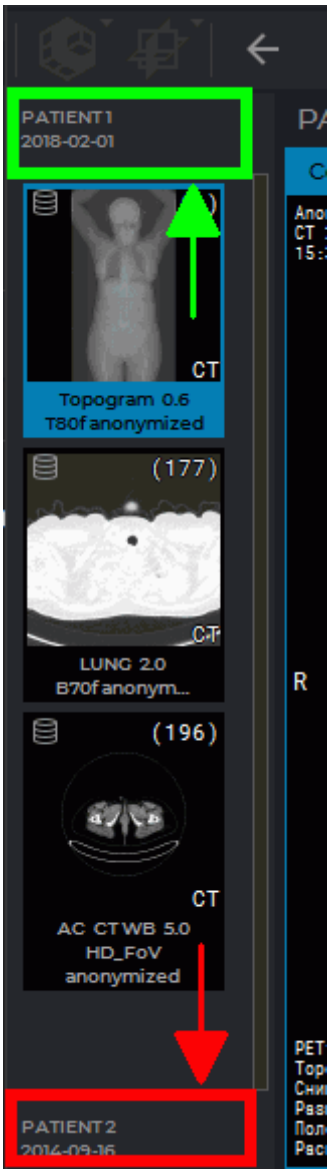


Figure 2.11: Painel de séries para várias análises. Os cabeçalhos das análises são indicados por setas. A análise superior está maximizada, e a inferior, minimizada

As setas indicam as raízes dos painéis de séries. Na figura estão abertas as séries da análise indicada pela seta verde (acima), e o painel de séries indicado pela seta vermelha

(abaixo), minimizada. Para maximizá-la, basta clicar com o botão esquerdo do mouse no cabeçalho (indicado pela seta inferior). Apenas um painel de séries pode ser maximizado de uma vez, os outros ficam minimizados.

2.10 Visualização de várias séries simultaneamente

Existem alguns modos de posicionamento das janelas de séries na janela da análise.

A seleção da opção de disposição de séries na caixa de estudos é realizada no menu do botão **«Disposição de séries»**. O menu para selecionar as opções de disposição da séries pode ser acessado de três maneiras:

1. Na barra de ferramentas, clique na seta no botão **«Disposição de séries»** e selecione a opção de disposição no menu suspenso (Fig. 2.12).

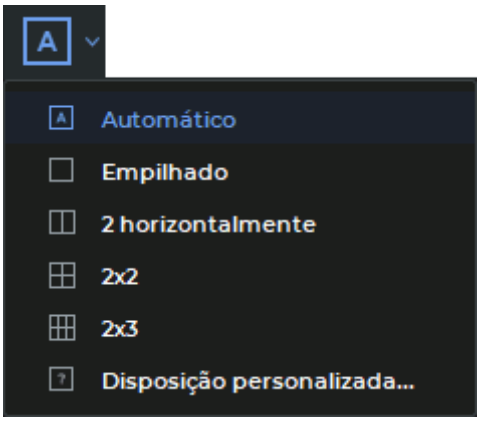


Figure 2.12: Menu da Disposição de Séries

2. Mova o cursor para a caixa da série aberta, clique com o botão direito do rato e selecione o comando **«Disposição de séries»** no menu de contexto.

3. Selecione **«Disposição de séries»** no menu principal **«Imagem»**.

Estão disponíveis as seguintes opções para a disposição de séries na caixa:

- **«Automático»** — o modo de disposição de séries é ativado por padrão (consulte a Seção 2.10.1);
- **«Empilhado»** — apenas uma caixa de série pode ser aberta na caixa de estudo (consulte a Seção 2.10.2);
- **«2 horizontalmente»** — a caixa de estudo é dividida em 2 caixas (consulte a Seção 2.10.3);
- **«2x2»** — a caixa de estudo divide-se em 4 caixas (consulte a Seção 2.10.3);
- **«2x3»** — a caixa de estudo divide-se em 6 caixas (consulte a Seção 2.10.3);
- **«Disposição personalizada...»** — a disposição das caixas de séries é configurado pelo usuário (consulte a Seção 2.10.4)

O modo da disposição de séries atual é destacado em azul na barra de ferramentas e no menu.

Existem várias formas de expandir qualquer uma das janelas da série para ecrã total e restaurar o seu tamanho:

- clique no botão ☐ **«Expandir»** no canto superior direito da janela da série;
- clique duas vezes com o botão esquerdo do mouse no cabeçalho da janela da série;
- clique duas vezes com o botão esquerdo do mouse dentro da janela da série.

2.10.1 Modo automático de posicionamento de séries

Esse modo é ativado por padrão. Se estiverem abertas mais de uma série, elas são posicionadas na janela e o zoom é automático, ocupando toda a área da janela. Na Fig. 2.13 estão mostradas 5 séries.

O modo automático é ativado de 3 maneiras:

- selecione o item A **«Automático»** no menu do botão **«Disposição de séries»** da barra de ferramentas;
- clique com o botão direito do rato na caixa da série aberta e selecione o comando **Disposição de séries->Automático** no menu de contexto;
- selecione o menu principal **Imagem->Disposição de séries->Automático**.

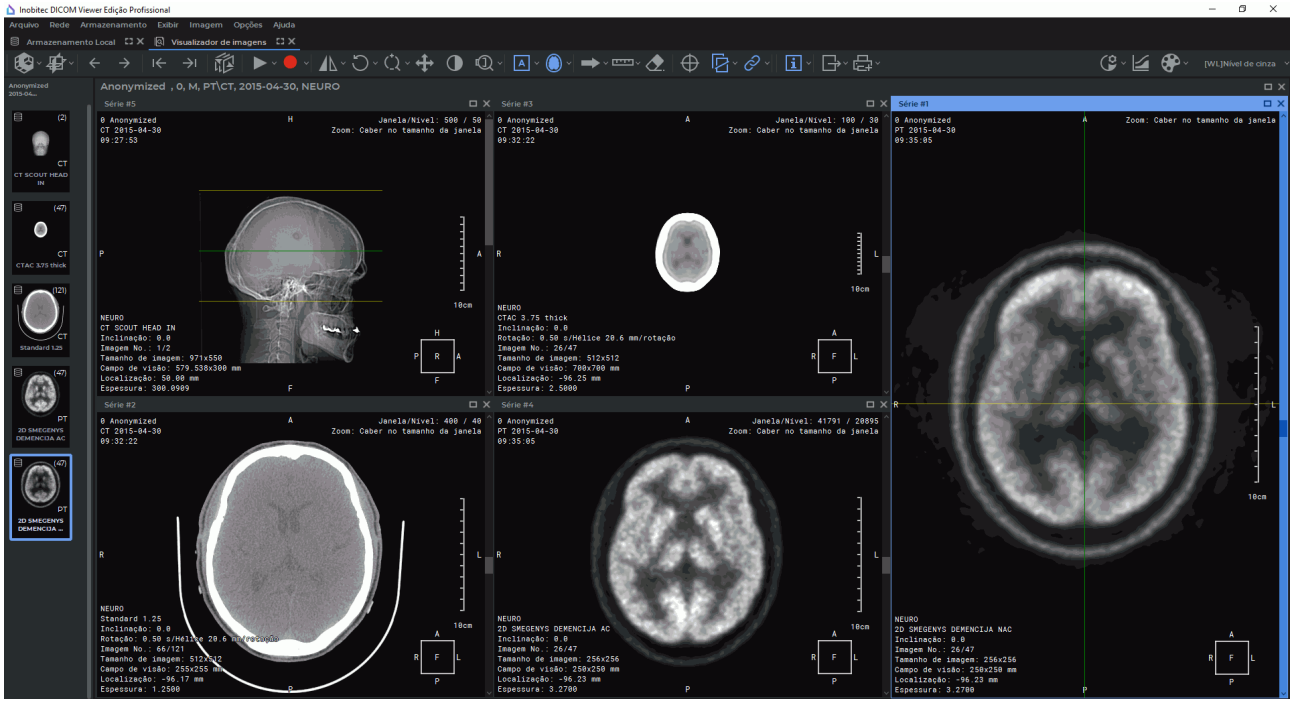


Figure 2.13: Posicionamento automático de séries

2.10.2 Modo de posicionamento sequencial de séries

Na janela de análises pode estar aberta apenas 1 janela de séries. A tentativa de abrir outra série leva ao fechamento da atual.

Este modo é ativado de várias maneiras:

- selecione **«Empilhado»** no menu do botão **«Disposição de séries»** da barra de ferramentas;
- clique com o botão direito do rato na caixa da série aberta e selecione o comando **Disposição de séries->Empilhado** no menu de contexto;
- selecione menu principal **Imagem->Disposição de séries->Empilhado**.

2.10.3 Modo de posicionamento de séries em grade

A janela da análise é previamente dividida em partes. Em cada uma, pode estar aberta uma janela de séries.

Para configurar a grade com o tipo 1x2, 2x2 e 2x3 **«2 horizontalmente»**, **«2x2»** e **«2x3»** utilize os botões **«Disposição de séries»**.

Esses tipos de configuração da grade estão disponíveis no menu de contexto da imagem. Clique com o botão direito do mouse na janela da série aberta e selecione **Disposição de séries**.

A selecção da grelha 1x2, 2x2 ou 2x3 está disponível no menu principal **Imagem->Disposição de séries**.

Se a configuração selecionada para a grade contiver menos janelas de visualização que as abertas na análise, então se abre um diálogo no qual o programa pergunta a confirmação do fechamento das séries abertas (Fig. 2.14).

Clique em **«OK»**, para fechar as séries ou **«CANCEL»** para cancelar.

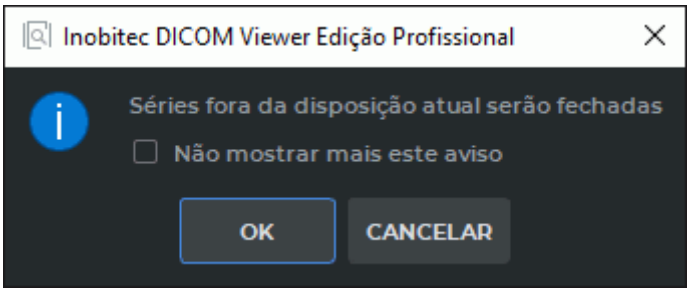


Figure 2.14: Aviso sobre o fechamento da série

É possível desativar o diálogo de fechamento de séries de duas formas:

- marque a opção **«Não mostrar mais este aviso»** na janela de diálogo (Fig. 2.14) e clique no botão **«OK»**;

- Selecione no menu principal **Opções->Configurações...>Módulos->Visualizador de imagens**, aba **«Disposição de imagem»** e remova a opção **«Confirmar o encerramento de série depois de alterar a disposição»**. Mais detalhes sobre a configuração do módulo na Seção 16.7.1.

Clique em **«OK»**, para adotar as alterações ou em **«CANCEL»** para cancelar.

2.10.4 Modo de posicionamento de séries em grade

A grade pode possuir de 1 a 100 células. A quantidade máxima de colunas e linhas é 10. Este modo pode ser definido por padrão (Seção 16.7.1).

Na Fig. 2.15 é mostrada uma grade de 2*4, da qual 3 células estão preenchidas.

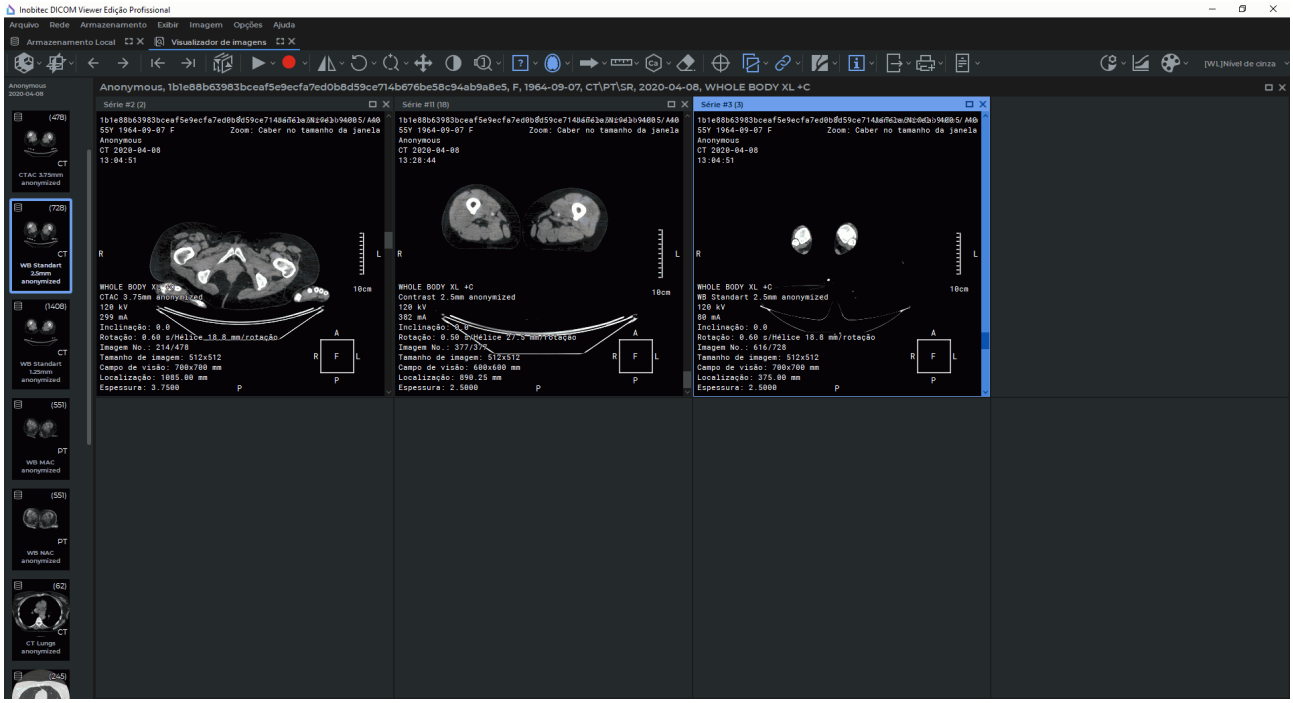


*Figure 2.15: Posicionamento das séries na grade 2*4*

Para definir uma grade personalizada, siga estes passos:

- selecione [?] **«Disposição personalizada...»** no menu do botão **«Disposição de séries»**;
- clique com o botão direito do rato na caixa aberta da série e selecione o comando **Disposição de séries->Disposição personalizada...** no menu de contexto;
- selecione menu principal **Imagem->Disposição de séries->Disposição personalizada...**

O modo usuário pode ser definido por padrão (Seção 16.7.1).

Na caixa de diálogo **«Configurações de linha/coluna»** (Fig. 2.16) que se abre, introduza o número de linhas e colunas da grade.

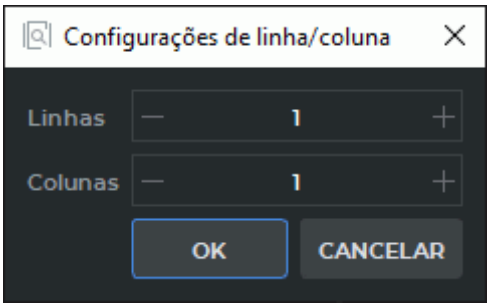


Figure 2.16: Diálogo de configuração da disposição de séries

Para a grade de configuração arbitrária, o DICOM Viewer permite preencher as células com as séries da análise atual. Por padrão, o preenchimento automático é desabilitado. Para habilitado, selecione o menu principal **Opções**->**Configurações**->**Módulos**->**Visualizador de imagens**, aba **«Disposição de imagem»** e marque a opção **«Preenchimento automático com séries»**. Mais detalhes sobre a configuração do módulo na Seção 16.7.1.

Ao abrir qualquer série em uma nova aba, as séries restantes da análise abrem-se nas células disponíveis da grade. As séries são organizadas pelo número.

Ao posicionar as séries na grade, o DICOM Viewer permite mover os limites entre as células. Para isso, coloque o cursor do mouse no divisor para que assuma a aparênci ou , e, pressionando o botão esquerdo do mouse, mova o limite. A configuração da prioridade dos divisores horizontais e verticais é descrita na Seção 16.7.1.

2.11 Visualização de várias imagens de uma série simultaneamente

Para selecionar o modo de posicionamento de imagens de uma análise, abra o menu de contexto da imagem, clicando nele com o botão direito e selecione o item **«Disposição de imagem»** e um dos modos de posicionamento. Eles são basicamente iguais aos modos de posicionamento de séries.

Modos de posicionamento de imagens:

- Empilhado. Definido por padrão. Na janela, é posicionada 1 imagem;
- 2 verticalmente. Na janela, são posicionadas 2 imagens, uma sobre a outra. A ordem da alternação é de cima para baixo. Ao listas, toda a tela é mudada (ou seja, se inicialmente na janela havia 1 ou 2 imagens da série, elas são mudadas para 3 ou 4 imagens), ou ocorre a movimentação para uma imagem. A configuração do modo é descrita na Seção 16.7.1. Para adotar o novo modo, abra a aba de visualização de imagens novamente.
- 2 horizontalmente. Igual à opção anterior, mas a imagem é posicionada horizontalmente. A ordem é da esquerda para a direita.
- 2x2. Na janela são posicionadas 2 linhas e 2 colunas de imagens. A ordem é da esquerda para a direita e de cima para baixo.

- 2x3, 3x2, 3x3, 4x4. Igual ao item anterior.

- Disposição personalizada.... A quantidade de linhas e de colunas é definida manualmente (de 1 a 10). Esse modo pode ser definido como padrão (Seção 16.7.1)

Na Fig. 2.17 a exibido o posicionamento das imagens da série na grade 3x2.

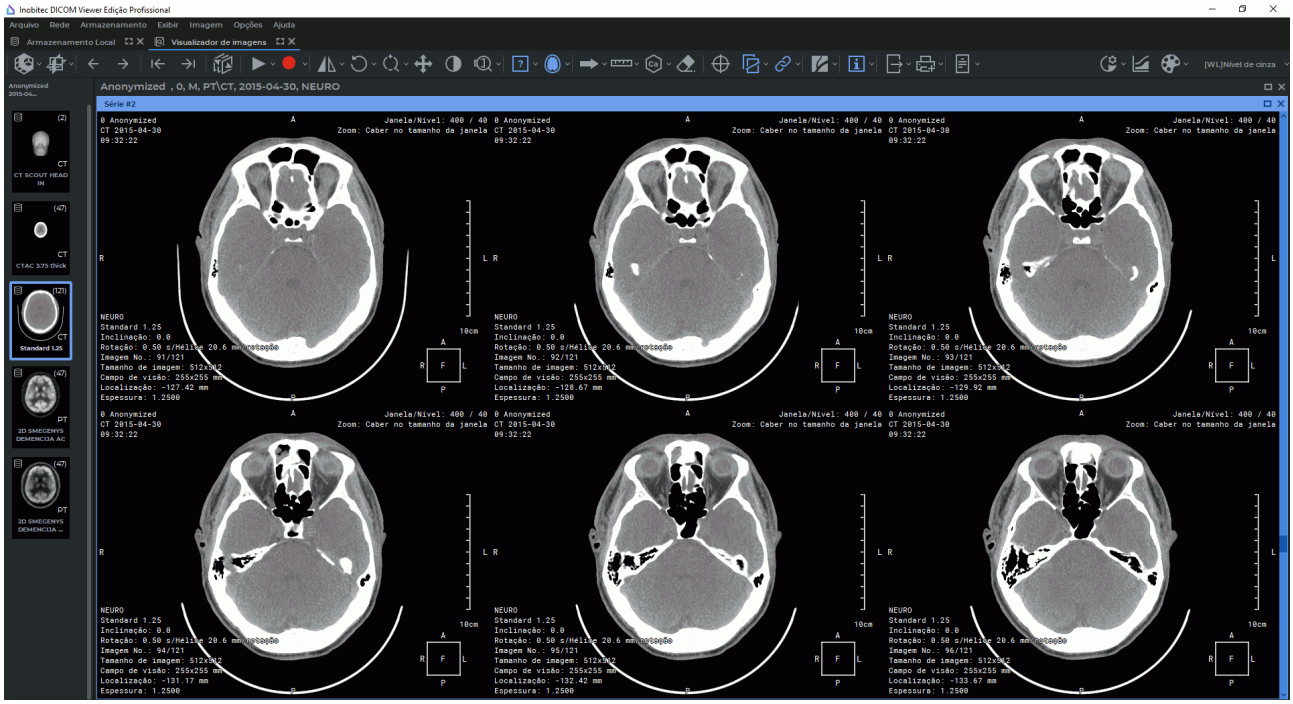


Figure 2.17: Posicionamento de imagens da série na grade 3x2

Várias séries podem ser posicionadas simultaneamente na tela, e em cada janela de séries, várias imagens. Na Fig. 2.18 estão abertas 3 janelas de séries. Na primeira, 1 imagem. Na segunda, uma grade 2x2, e na terceira, uma grade 4x4.

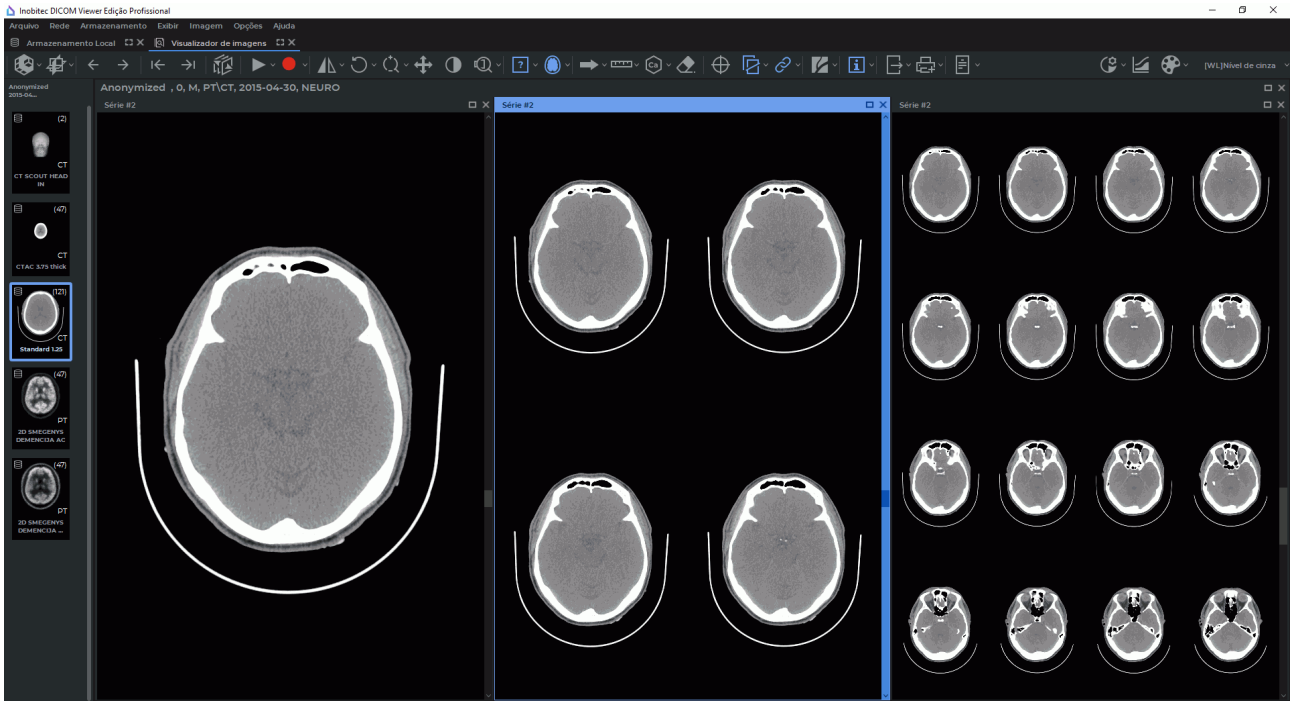


Figure 2.18: Posicionamento de várias séries e várias imagens de série

Para as séries de uma modalidade diferente assumirem por padrão os seus modos de posicionamento de imagens, adicione as configurações de posicionamento para essas modalidades (Seção 16.7.1). Utilize para o nome da modalidade, letras latinas, e não russas. O nome da modalidade deve corresponder ao nome no pictograma da série (Fig. 2.19).

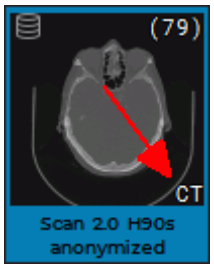


Figure 2.19: A modalidade da série está marcada por uma seta vermelha

2.12 Visualizar vários episódios como um episódio multifásico

As séries múltiplas do mesmo estudo podem ser combinadas numa série multifásica. A série combinada pode ser utilizada para avaliar a distribuição do contraste. Nos tecidos ao longo de intervalos de tempo, por exemplo, para visualização em Angiografia de Subdecisão Digital (DSA) ou modo de estimativa de parâmetros de perfusão.

As séries são adequadas para agrupamento:

- se um servidor PACS for selecionado como fonte de dados DICOM, carregue as séries para o armazenamento local;

- com a mesma modalidade;
- com o mesmo valor de etiqueta *FrameOfReferenceUID (0020, 0052)*.

Para combinar várias séries do mesmo estudo numa série multifásica,execute:

1. Selecione um estudo no painel de estudos para ver a lista das séries.
2. Selecione várias séries na lista de uma das seguintes formas:
   - enquanto mantém premida a tecla **Shift** no teclado, selecione a primeira e a última série;
   - mova o cursor sobre a série de interesse enquanto mantém premido o botão esquerdo do rato;
   - mantendo premida a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) no seu teclado, selecione vários episódios localizados em diferentes partes da lista.
3. Coloque o cursor sobre a série destacada, clique com o botão direito do rato e selecione **Image viewer (open as a single series)** no menu de contexto. Uma de três opções para visualizar a série no ecrã:
   - **Mostrar em tela 1**: as imagens se abrem em uma nova aba;
   - **Mostrar como janela**: as imagens se abrem em uma janela separada;
   - **Mostrar em tela cheia**: as imagens se abrem no modo tela cheia. Para sair do modo de tela cheia, pressione a tecla **Esc** ou **F11** no teclado.

Se a série de estudos selecionada não puder ser fundida, é apresentada a seguinte caixa de diálogo: Uma caixa de diálogo com uma mensagem de erro. Para obter informações sobre a causa do erro, clique no botão **«MOSTRAR DETALHES...»**.

A série multifásica fundida abrir-se-á na janela de visualização. A série combinada pode ser aberta a partir da pasta **«Visualizador de imagens»**. Também é possível abri-la a partir dos separadores **«Reconstrução volumétrica»** e **«Reconstrução MPR»**.

A nova série fundida é adicionada à lista de séries do estudo atual. A descrição da série é uma listagem de todas as séries fundidas com um espaço e o prefixo «Merged».

Se as séries que estão a ser mescladas tiverem o mesmo nome, o sufixo (xN) é adicionado à descrição da série mesclada para cada grupo com o mesmo nome, onde N é o número de séries com o mesmo nome. Por exemplo: *Merged: <Nome_da_série_p1>(x5), <Nome_da_série_p2>(x8), <Nome_da_série_p3>(x6)*.

As séries fundidas podem ser abertas nos separadores **«Reconstrução volumétrica»** e **«Reconstrução MPR»**. Para remover uma série combinada, da lista de séries, clique no botão **«Remover as séries selecionadas do Armazenamento Local»** .

Não está disponível para as séries fundidas:

- guardar na memória local;
- guardar num servidor PACS;
- adicionar a uma imagem de CD/DVD;
- a visualização de tags.

Ao atualizar a lista de pesquisas, a série combinada é removida automaticamente.

2.13 Visualização de imagens em projeções ortogonais

DICOM Viewer permite que o usuário altere o plano de visualização da série na seção de visualização plana.

O botão para visualizar a projeção ortogonal em função da opção selecionada tem o seguinte aspeto , ou .

Existem várias formas de selecionar a variante de apresentação da projeção de uma série na janela selecionada. De várias maneiras:

- Clique na seta no botão ou no botão de seleção da projeção ortogonal projeção. Na lista pendente (Fig. 2.20) selecione uma das opções;

- Prima a combinação de teclas **Shift+A**, no teclado para mudar a projeção. Para mudar para a projeção axial, prima **Shift+C** para mudar para a projeção frontal, prima **Shift+S**. Estes atalhos de teclado estão definidos. Pode alterar os atalhos de teclado nas **«Ferramentas»** da secção de definições **«Teclas de atalho»** (ver Secção 16.8).

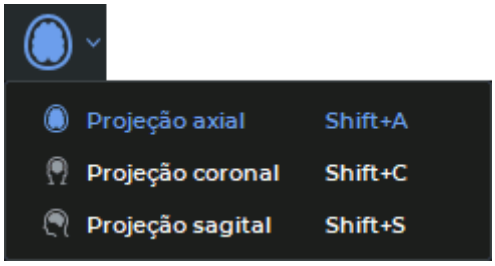


Figure 2.20: Menu suspenso do Projeções ortogonais

A projeção atual da série na caixa selecionada é exibida na barra de ferramentas e no menu suspenso em azul.

Por padrão, a série é aberta na projeção em que foi recebida do equipamento médico. Outras opções para exibição de projeções estão disponíveis apenas para aquelas séries para as quais a classificação de imagem por posição e fase está disponível.

Se a série não estiver totalmente carregada e o usuário tiver selecionado uma projeção ortogonal diferente da obtida no equipamento médico, a projeção será construída com base nos dados carregados no momento. Se o número de imagens na série original tiver mudado, a projeção ortogonal é reconstruída quando uma projeção diferente do equipamento médico é re-selecionada.

Quando você seleciona uma projeção ortogonal novamente na mesma viewport, a projeção é aberta na última fatia visualizada. Todas as ações disponíveis para uma projeção recebida de um dispositivo médico (por exemplo, medições, visualização de várias séries, sincronização etc.) podem ser executadas em todas as projeções ortogonais.

A classificação de imagens em série e a exibição de tags estão disponíveis apenas para as projeções recebidas de equipamentos médicos. Para alterar a ordenação das imagens de todas as séries abertas na caixa de visualização, abra o menu de contexto da caixa clicando com o botão direito do rato no título da caixa, selecione o item **«Classificação de imagem»** e selecione um dos tipos de ordenação.

Ao retornar à projeção ortogonal, que corresponde à obtida em equipamentos médicos, a ordenação das imagens não muda.

O menu Projeções ortogonais não está disponível para as séries:

- que não podem ser classificados pelo método **«Classificar pela posição e fase da imagem»**;
- ter menos de 2 imagens em pelo menos uma fase;
- consistindo de imagens baseadas no modelo de cores RGB.

As séries abertas a partir da aba **«Visualizador de imagens»** nas abas **«Reconstrução volumétrica»**, **«Reconstrução MPR»** são exibidas com base apenas na projeção em que foram recebidas do equipamento médico.

A ferramenta **«Medição de cálcio»** funciona de forma independente em cada projeção ortogonal da série.

Ao definir opções personalizadas de largura e nível da caixa, a caixa de diálogo **«Configurações Janela/Nível»** exibe uma miniatura da série ativa na projeção ortogonal selecionada.

O histograma e a aba **«Tabelas de consulta de cores»** exibem a série atual na projeção ortogonal selecionada.

2.14 Ferramenta «Executar»

O DICOM Viewer permite reproduzir automaticamente as imagens da série com uma velocidade definida. Para configurar a reprodução, clique na seta no botão **«Executar»** ▶ e defina os parâmetros necessários no menu do botão.

1. Se a série contiver várias fases ou for multiframe, o DICOM Viewer permite acionar a reproduzção de imagens, fases e frames. Para isso, no menu do botão **«Executar»** ▶ selecione o item **«Executar imagens»**, **«Executar fases»** ou **«Executar fotograma»**. O item selecionado é destacado. No menu estão disponíveis apenas os itens que correspondem a essa série.

2. Selecione a velocidade necessária da reprodução (5, 10, 20, 25 quadros por segundo). Se for necessário definir outra velocidade de reprodução, selecione o comando **«Usuário definido...»** e no diálogo que se abre, insira um valor de 1 a 100. A velocidade selecionada é destacada.

3. Para reproduzir as imagens de forma cíclica, selecione o comando **«Repetir»**. O comando é destacado por um marcador. Para desligar a reprodução cíclica, seleciona novamente esse comando. O marcador é removido.

Para reproduzir, clique na parte esquerda do botão ▶ no painel de instrumentos. O botão assume a aparência ▌▌ . Para concluir a reprodução, clique na parte esquerda do botão ▌▌ **«Pausar»**.

2.15 Gravação de vídeo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite gravar vídeo para a janela selecionada de visualização de imagens. Ao posicionar várias séries na aba (Seção 2.10) o vídeo é gravado apenas da janela selecionada. Ao posicionar as imagens na grade (Seção 2.11) o vídeo é gravado apenas para a área de exibição da imagem superior esquerda (destacada por uma moldura verde na Fig. 2.21). No vídeo são gravados:

- as imagens do tecido;
- medições;
- anotações;
- projeções de seções;
- marcadores;
- cubo de orientação;
- régua;
- a cruz de sincronia.

No vídeo não são gravados:

- o cursor;
- as janelas de diálogo.

A gravação termina se:

- o foco passar para outra janela nos limites dessa aba;
- o tamanho da janela é alterado.

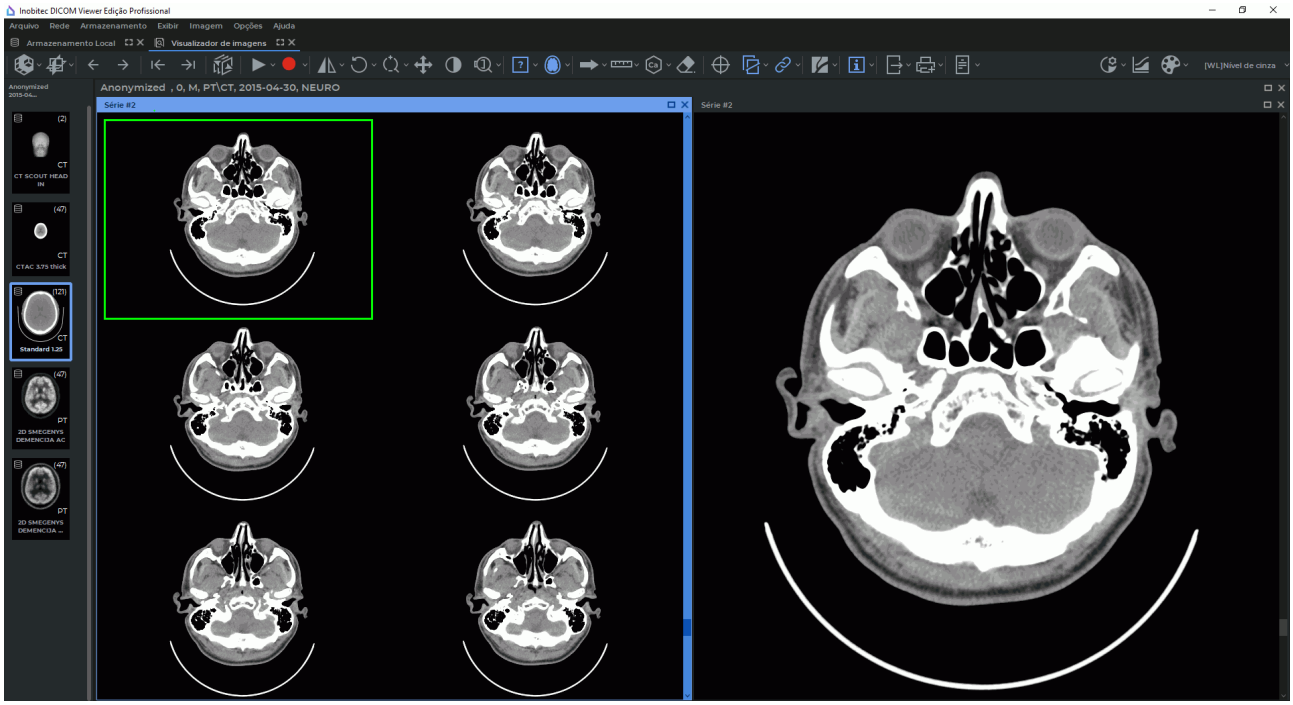


Figure 2.21: A área de gravação do vídeo é destacada pela moldura verde

A gravação do vídeo é sincronizada com a reprodução (Seção 2.15). Para que a reprodução seja ligada durante a gravação do vídeo, e ao concluir a gravação seja desligada, clique na seta no botão ● , clique em **«Configurações...»** e na janela de diálogo que se abre (Fig. 2.22), marque a opção **«Iniciar reprodução depois de iniciar gravação»**. Se essa configuração estiver ligada, então a conclusão da reprodução causa a conclusão da gravação.

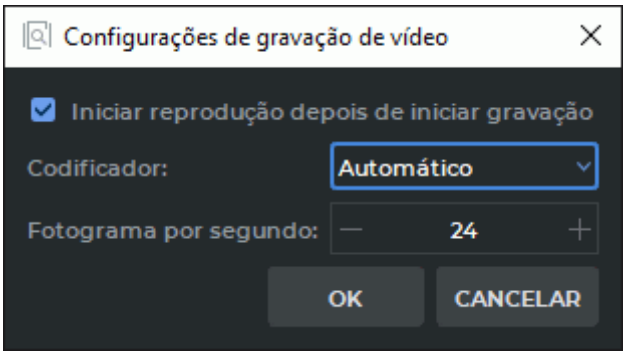


Figure 2.22: Caixa de diálogo das definições de gravação de vídeo

Na lista suspensa **«Codificador»**, selecione uma das opções:

- **«Automático»**. A escolha do codec depende do número de pontos da janela gravada. Se o número de pontos da janela gravada (largura da janela $\times$ altura da janela) for $\leq$ 9437184, o codec H264 será usado. Para Windows com vários pontos com mais de 9437184, o codec MPEG4 é usado. A seleção automática de um codec é definida por padrão;

- **«H264»**. Ele é usado para gravar um vídeo em uma janela, cujo número de pontos (largura da janela $\times$ altura da janela) for $\leq$ 9437184. Se o número de pontos na janela gravada for superior ao valor especificado, será apresentada uma mensagem a solicitar a seleção do codec MPEG4 quando premir o botão **«OK»**;

- **«MPEG4»**. Pode ser utilizado para gravar vídeo em janelas de qualquer tamanho, mas o ficheiro de vídeo ocupará mais espaço no disco em comparação com um ficheiro criado utilizando o codec H264.

Para definir a frequência de quadros, insira o valor no campo **«Fotogramas por segundo»**. Clique em **«OK»**, para adotar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelar.
Para começar a gravar o vídeo, realize os seguintes passos:

1. Clique na parte esquerda do botão **«Iniciar gravação de vídeo»** . Abrir-se-á um diálogo de salvamento de arquivo.

2. Selecione o caminho para salvar e o nome do arquivo.

3. Para começar a gravar o vídeo, clique em **«Salvar»**. Para cancelar a ação, **«Cancelar»**.

Durante a gravação o botão assume a aparência . Para parar a gravação do vídeo, clique na parte esquerda do botão . Após a conclusão da gravação do vídeo, aparece uma mensagem **«A gravação de vídeo foi interrompida»**.
O vídeo é guardado num ficheiro com a extensão *.mp4*.

2.16 Zoom. Posicionamento. Curva

2.16.1 Zoom

A alteração da escala da imagem é feita das seguintes maneiras:

1. Girando a roda do mouse com a tecla **Ctrl** pressionada (**Command + rolagem** para o macOS). Para aumentar a escala, gire a roda partindo de você. Para diminuir, gire na sua direção.

2. Com a ferramenta **«Zoom»**. Ative a ferramenta clicando na parte esquerda do botão e escalone a imagem movendo o cursor do mouse para cima ou para baixo na tela. Para definir os valores iniciais da escala, abra o menu pendente clicando na seta no botão , e selecione o valor desejado. Para definir você mesmo o valor numérico selecione no menu pendente o item **«Zoom personalizado...»**. A ferramenta também está disponível no menu de contexto da imagem e na seção **«Imagem»** do menu principal.

O zoom ocorre em relação ao ponto no qual está disposto o cursor do mouse.
Para aumentar e diminuir o zoom do toque usando gestos, consulte a Seção 1.15.

2.16.2 Reposicionamento

O posicionamento da imagem na janela de visualização ocorre de duas maneiras:

1. Mova o mouse com a roda pressionada, pressionando no teclado o botão **«Shift»**. Essa combinação de teclas é definida por padrão. É possível desligar ou alterar o vínculo na aba **«Controladores»** do módulo **«Visualizador de imagens»** (ver Seção 16.7.1).

2. Ative a ferramenta **«Deslocar»**, clicando no botão com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para continuar trabalhando com a ferramenta, utilize o mesmo botão usado para ativá-la. Mais detalhes sobre a gestão de ferramentas na Seção 1.14. Para posicionar a imagem, mova o cursor pela tela, pressionando o botão do mouse.

A ferramenta também está disponível no menu de imagem na seção **«Imagem»** do menu principal.

Para mover uma imagem em uma tela sensível ao toque usando gestos, consulte a Seção 1.15.

2.16.3 Curva

A curva em um ângulo múltiplo de 90° é realizada clicando na seta no botão **«Girar»** no painel de ferramentas e selecionando uma das 4 opções:

- Definir 0°;
- Definir 90° no sentido dos ponteiros do relógio;
- Definir 180°;
- Definir 90° no sentido contrário ao dos ponteiros do relógio.

Para rodar a imagem num ângulo arbitrário, clique no botão **«Girar»** com o botão esquerdo, direito ou médio do rato. Para continuar a trabalhar com a ferramenta, utilize o botão com que a ferramenta foi activada. Para mais informações sobre a gestão de ferramentas, ver. Na Secção 1.14. Rode a imagem movendo o rato enquanto mantém premido o botão que activou a ferramenta. Quando a movimentação for concluída, clique no botão **«Girar»**, para desativar a ferramenta.

A ferramenta também está disponível no menu de imagem na seção **«Imagem»** do menu principal.

Para girar uma imagem em uma tela sensível ao toque usando gestos, consulte a Seção 1.15.

2.17 Configuração da altura e da largura da janela (Windows Level W/L)

Esses valores de altura e largura da janela são mostrados na parte superior direita da janela. Se estiver ativada a ferramenta **«Ajustar Janela/Nível»** no painel de ferramentas, as alterações da altura e da largura da janela são feitas com o mesmo botão do mouse usado para ativar a ferramenta. Mais detalhes sobre a gestão de ferramentas na Seção 1.14. A ativação da

ferramenta na aba de reconstrução volumétrica e na aba de reconstrução multiplanar é possível também através do menu e contexto da imagem. Na aba de visualização de imagens planas, a ferramenta está disponível na seção **«Imagem»** do menu principal. Na aba de reconstrução multiplanar, a ferramenta está disponível na seção **«MPR»** do menu principal. Na aba de reconstrução volumétrica, a ferramenta está disponível na seção **«Volume»** do menu principal.

Para alterar os parâmetros, mova o mouse para a janela de análises mantendo pressionado o mesmo botão utilizado para ativar a ferramenta:

- para aumentar a altura da janela: para baixo;
- para diminuir a altura da janela: para cima;
- para diminuir a largura da janela: para a esquerda;
- para aumentar a largura da janela: para a direita.

A configuração da velocidade de ajuste de nível e largura da janela é descrita na Seção 2.17.5.

Se não houver nenhuma ferramenta ativada no botão direito do mouse, a alteração da largura e da altura da janela ocorre movendo o mouse com o botão direito pressionado. É possível atribuir o botão direito do mouse para dimensionar os parâmetros da janela por padrão na aba **«Controladores»** do módulo **«Visualizador de imagens»** (ver Seção 16.7.1).

Para alterar as configurações de largura e nível em uma tela sensível ao toque usando gestos, consulte a Seção 1.15.

Ao invés dos termos «largura da janela» e «altura da janela» podem ser usados os termos «contraste» e «claridade» correspondentemente.

Para visualizar vários tecidos, o DICOM Viewer contém valores predefinidos de altura e largura. Para alterar rapidamente uma das opções de configuração de altura e largura da janela para outra, clique na seta no botão **«Janela/Nível personalizado»** . No menu pendente (Fig. 2.23) estão disponíveis os seguintes valores predefinidos:

- **«Recomendado»** os valores das etiquetas de imagem correspondentes são aplicados pelo DICOM Viewer. Definido por padrão;
- **«Dinâmica completa»** modo de exibição de imagem no qual os valores de largura e altura da janela são selecionados dependendo dos valores disponíveis da imagem. Esse modo pode ser utilizado quando na análise não são indicados os valores de largura e altura da janela;
- **«Ossos»** para a visualização dos tecidos ósseos;
- **«Pulmões»** para a visualização dos tecidos pulmonares;
- **«Cérebro»** para a visualização dos tecidos cerebrais;
- **«Tórax»** para a visualização dos tecidos da caixa toráxica;
- **«Cabeça/pescoço»** para a visualização dos tecidos da cabeça e do pescoço;
- **«Abdômen»** para a visualização dos tecidos do abdômen;

- **«Janela/Nível personalizado...»** os parâmetros de largura e altura da janela são definidos pelo usuário na janela de diálogo **«Configurações Janela/Nível»** (Fig. 2.24) e usados para todas as imagens da série.

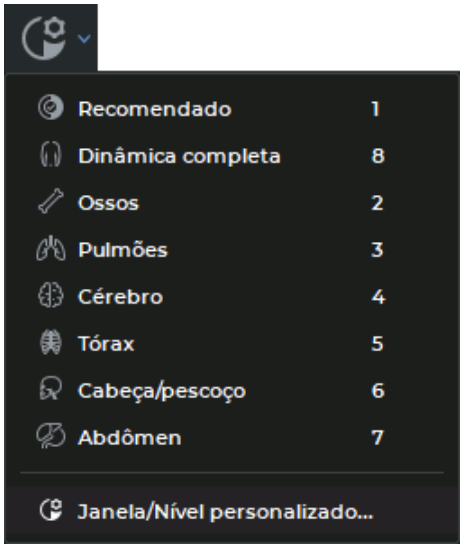


Figure 2.23: Menu de configuração rápida de altura e largura da janela

Selecione da lista o valor predefinido desejado de altura e largura da janela ou clique no «atalho», correspondente ao valor predefinido. Não é possível alterar os valores predefinidos para os tecidos. Para voltar às configurações iniciais, selecione **«Recomendado»**.

Para definir os parâmetros de usuário de largura e altura da janela, clique no botão **«Janela/Nível personalizado»** . Na janela de diálogo que se abre **«Configurações Janela/Nível»** (Fig. 2.24) defina os parâmetros de altura e largura da janela ou selecione os valores predefinidos

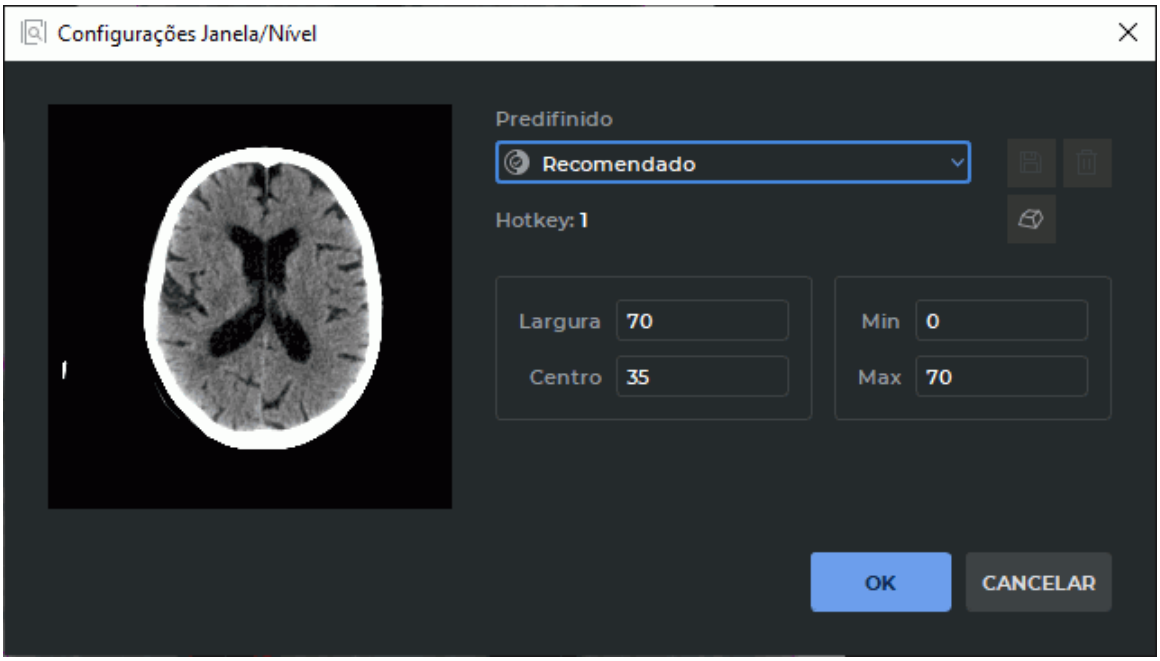


Figure 2.24: Janela de diálogo «Configurações Janela/Nível»

Na lista pendente **«Predefinido»**. Na lista pendente **«Predefinido»** estão disponíveis valores,valores predefinidos e predefinições previamente guardadas pelo utilizador (ver Secção 2.17.2). As predefinições padrão estão assinaladas com ícones.

A caixa de diálogo **«Configurações Janela/Nível»** apresenta a tecla de atalho e os valores de largura e nível da janela correspondentes à predefinição selecionada.

Clique em **«OK»**, para adotar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

2.17.1 Definição dos valores de largura e nível da janela para uma predefinição personalizada

Existem duas formas de definir a largura e o nível da janela para uma predefinição personalizada:

1. Definir manualmente os valores nos campos **«Largura»**, **«Centro»**, **«Min»** e **«Max»** da caixa de diálogo **«Configurações Janela/Nível»**. O valor nos outros campos é alterado de acordo com as fórmulas:

   Largura = **Max — Min**;

   Centro = **(Max** + **Min)/2**.

   Se o valor definido para a largura e o nível da janela não corresponder a nenhuma predefinição, então o valor «Custom W/L» é apresentado na lista pendente **«Predefinido»**.

2. Altere a largura da janela e o valor do nível utilizando a ferramenta **«Ajustar Janela/Nível»** (consulte a Secção 2.17). Chame a caixa de diálogo **«Configurações Janela/Nível»**, clicando no botão correspondente na barra de ferramentas.

Se o valor definido para a largura e o nível da janela não corresponder a nenhuma predefinição, o valor é apresentado na lista pendente **«Predefinido»**.

Para guardar os valores de largura da janela e de nível definidos como uma nova predefinição, clique no botão **«Salvar o predefinido»** na janela **«Configurações Janela/Nível»**. Na caixa de diálogo **«Novo W/L predefinido»** que se abre (Fig. 2.25) introduza o nome da predefinição. Defina o nome da predefinição e atribua uma tecla de atalho. No formato: *W<valor da largura da janela>/L<valor do centro da janela>*, e o campo **«Hotkey»** não tem nenhum valor.

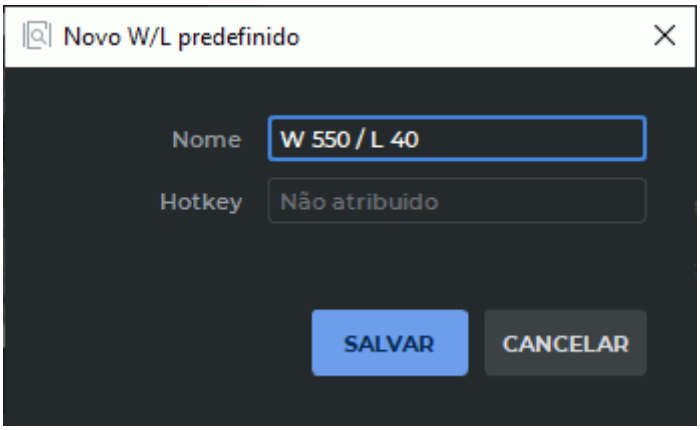


Figure 2.25: Criar uma nova predefinição

Especifique um nome único para a predefinição. Se necessário, atribua uma «tecla de atalho» (consulte a Secção 2.17.2)

Clicar **SALVAR** para guardar a predefinição ou **«CANCELAR»** para cancelar.

Depois de guardar com sucesso, a nova predefinição é apresentada como a predefinição atual na caixa de diálogo **«Configurações Janela/Nível»**.

2.17.2 Ações com predefinições

Ações com teclas de atalho. Para atribuir ou alterar uma tecla de atalho a uma predefinição, proceda da seguinte forma:

1. Chamar a caixa de diálogo **«Configurações Janela/Nível»**, clicando no botão na barra de ferramentas.
2. Selecionar a predefinição pretendida na lista suspensa **«Predefinido»**.
3. Clicar no botão **«Estabiecer a chave de acesso»** .
4. Na caixa de diálogo **«Defina a hotkey»** que se abre (Fig. 2.26) introduzir um valor no campo **«Hotkey»**. Este pode ser definido para:
   - qualquer tecla individual do teclado alfanumérico ou uma tecla de função. Por exemplo, **A** ou **F5**;

- combinações das teclas modificadoras **Alt** (ou a tecla **Option** para o macOS), **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS), **Shift**, premidas em simultâneo com qualquer tecla alfanumérica ou de função. Por exemplo, **Ctrl+H** (**Command+H** para o macOS), **Shift+F5** ou **Alt+Ctrl+Shift+Q** (**Option+Command+Shift+Q** para o macOS).

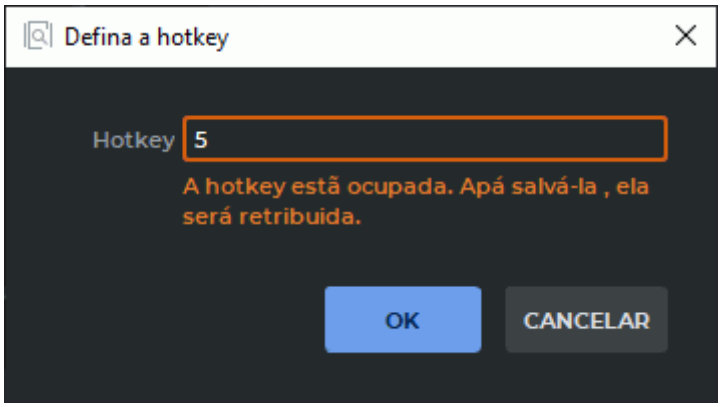


Figure 2.26: Definição de uma tecla de atalho

Se o valor introduzido no campo **«Hotkey»** estiver associado a outra ação ou ferramenta, é apresentado um aviso na caixa de diálogo a indicar que uma tecla de atalho existente será reatribuída. Também é possível reatribuir as teclas de atalho para as predefinições padrão de largura de janela e de nível. A largura da janela e as predefinições de nível também podem ser reatribuídas.

5. Prima **«OK»** para guardar a tecla de atalho ou **«CANCELAR»** para cancelar.

Quando reatribuir as teclas de atalho, pode ser necessário reiniciar o programa para que as alterações tenham efeito. Se a tecla pertencer a uma predefinição W/L diferente, não é necessário reiniciar o programa.

Para eliminar uma predefinição personalizada:

1. Abra a caixa de diálogo **«Configurações Janela/Nível»**, clicando no botão na barra de ferramentas.
2. Selecione a predefinição que pretende eliminar na lista suspensa**«Predefinido»**.
3. Clique no botão **«Remover o predefinido»** .
4. Na caixa de diálogo de confirmação, prima **«REMOVER»** para apagar a predefinição ou **«CANCELAR»** para cancelar a operação.

Apenas as predefinições previamente criadas pelo utilizador podem ser eliminadas. Não é possível eliminar as predefinições padrão.

Ao eliminar uma predefinição, a predefinição anterior na lista passa a ser a predefinição atual. A tecla de atalho é da predefinição remota também e libertada.

Importar e exportar predefinições do utilizador. A largura e o nível da janela são exportados e importados juntamente com as restantes definições do programa (ver Secção 16.9).

2.17.3 Opções complementares de configuração de largura e altura da janela

Para ativar as configurações complementares de visualização de imagens, realize os seguintes passos:

1. Selecione no menu **«Opções»** o item **«Configurações...»**.

2. Selecione na lista **«Módulos»** o módulo **«Visualizador de imagens»** e clique no botão **«CONFIGURAÇÕES»**.

3. Na janela **«Configurações do visualizador de imagens»** acesse a aba **«Configurações Janela/Nível»** (Fig. 2.27).

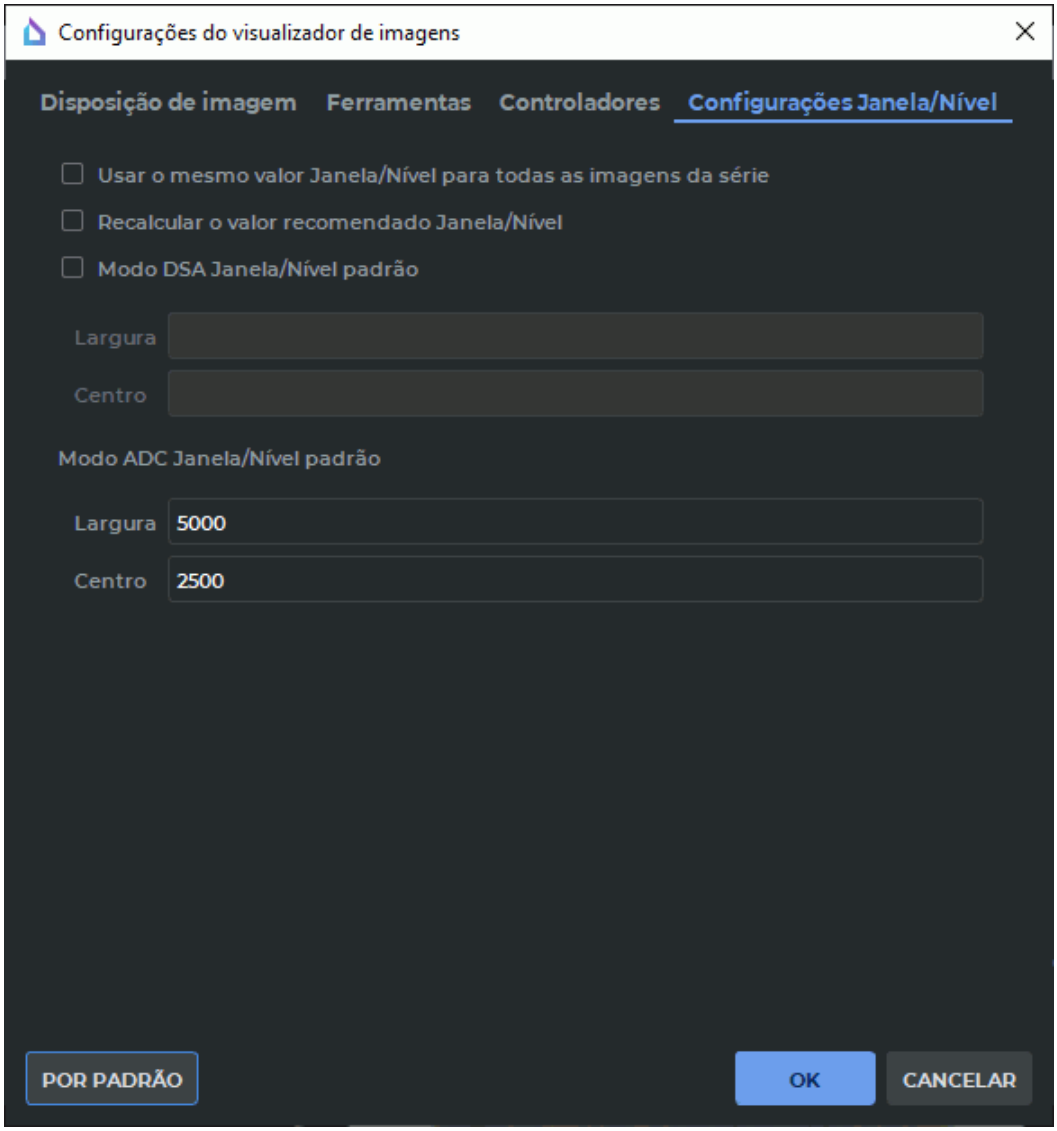


Figure 2.27: Diálogo de visualização de imagens

4. Defina para o modo de visualização de imagens planas as opções:

- para que os valores do modo **«Recomendado»** e **«Dinâmica completa»** sejam calculados e utilizados para todas as seções da série, marque a opção **«Usar o mesmo valor Janela/Nível para todas as imagens da série»**. Se a opção não for selecionada, **«Recomendado»** e **«Dinâmica completa»** são calculados para cada seção separadamente;
- se nos marcadores da série estiverem gravados dados incorretos de largura e altura da janela, marque a opção **«Recalcular o valor recomendado Janela/Nível»**. Os valores otimizados de exibição são calculados com base nos dados da imagem. O dados nos marcadores da série são ignorados;
- para definir os valores de largura e altura da janela para o modo DSA por padrão, marque a opção **«Modo DSA Janela/Nível padrão»**. Insira no campo **«Largura»** e **«Centro»** valores numéricos.

Clique em **«OK»**, para adotar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

As opções **«Usar o mesmo valor Janela/Nível para todas as imagens da série»** e **«Recalcular o valor recomendado Janela/Nível»** influenciam no valor de altura e largura da janela no modo **«Recomendado»** e **«Dinâmica completa»**.

Para retornar aos valores padrão, clique no botão **«POR PADRÃO»**.

2.17.4 Configuração de altura e largura da janela ao visualizar séries unificadas

Para utilizar os valores do diálogo **«Configurações Janela/Nível»** (Fig. 2.24) ao visualizar séries unificadas, realize:

1. Na lista de camadas da série unificada, selecione qualquer camada exceto a primeira (básica). Informações detalhadas sobre séries unificadas no Capítulo 4. elecione os valores predefinidos ou configure os de usuário dos parâmetros de largura e altura da janela para essa camada no diálogo **«Ajustar Janela/Nível»** (Fig. 2.24).

2. Abra a série unificada na aba de reconstrução volumétrica ou na aba de reconstrução multiplanar clicando no botão correspondente no painel de ferramentas.

O valor de altura e largura da janela para a primeira camada é definido a partir dos marcadores dessa série, e para as outras camadas, das do usuário na aba de camadas unificadas.

2.17.5 Configuração da velocidade de alteração de nível e largura da janela (W/L)

Para a ferramenta **«Ajustar Janela/Nível»** o usuário pode configurar a velocidade de alteração de nível e largura da janela. Para o efeito, clique na seta no botão **«Ajustar Janela/Nível»** e selecione o item **«Propriedades...»**. Na caixa de diálogo **«Ajuste de parâmetros de largura e cumprimento»** (Fig. 2.28) configure a velocidade de alteração do nível e da largura da janela.

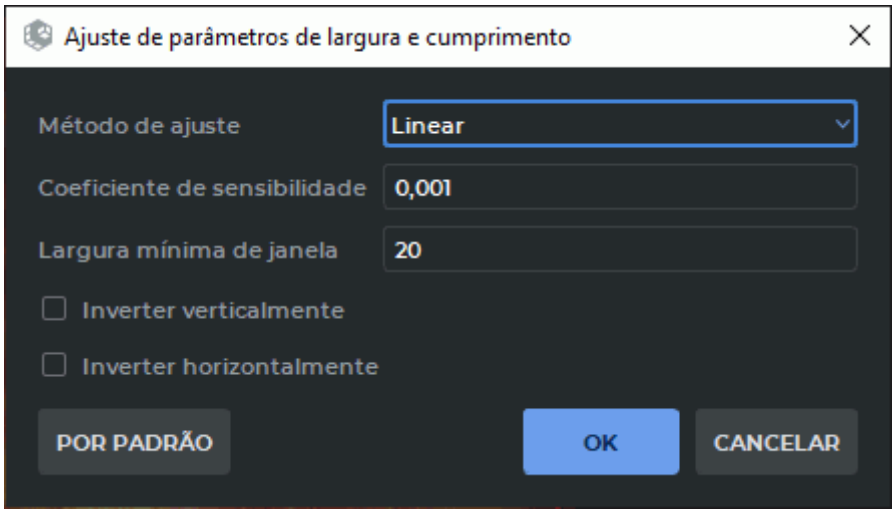


Figure 2.28: Janela de diálogo «Ajuste de parâmetros de largura e cumprimento»

Na lista pendente **«Método de ajuste»** selecione uma das opções:

- **«Linear»**. A alteração dos valores do nível e da largura da janela ocorre proporcionalmente ao movimento do cursor do rato na janela da série com o botão pressionado que ativou a ferramenta. O método é instalado por padrão;

- **«Não linear (por velocidade do cursor)»**. A alteração dos valores do nível e da largura da janela depende da velocidade do cursor do rato na janela de série. Ao mover o cursor do rato rapidamente os valores mudam com uma taxa maior, e ao mover lentamente com uma taxa menor;

- **«Não linear (por distância)»**. A alteração dos valores do nível e da largura da janela depende da distância percorrida pelo cursor do rato na janela da série. O grau de alteração nos valores depende da distância entre as posições corrente e inicial (no momento em que o botão do rato foi pressionado) do cursor.

Os seguintes parâmetros são configurados adicionalmente para cada método:

- o **«Coeficiente de sensibilidade»** determina a velocidade de alteração dos valores de nível e largura da janela. Somente números reais positivos podem ser inseridos no campo. O valor padrão é 0,001;

- para o método de edição **«Linear»**, no campo **«Largura mínima de janela»**, especifique a largura mínima da janela na qual a taxa de variação de W/L depende da largura. Se a largura da janela for menor que a mínima, a taxa de variação de W/L deixa de diminuir. É permitido inserir valores reais positivos. O valor padrão é definido como 100;

- para o método não **«Não linear (por velocidade do cursor)»**, no campo **«Grau»**, especifique o grau de incremento do valor W/L com base nas alterações na velocidade do cursor. É permitido inserir valores maiores que 1. O valor padrão é definido como 2;

- para o método não **«Não linear (por distância)»**, no campo **«Grau»**, specifique o grau de incremento do valor W/L com base na alteração da distância entre a posição atual e a inicial do cursor. É permitido inserir valores maiores que 1. O valor padrão é definido como 2,5.

Para usuários com experiência individual no uso de dispositivos específicos (trackball, joystick, etc.), está disponível a opção de alteração do nível e da largura da janela inversamente ao movimento do cursor do rato.

Para optar pela direção invertida de alteração do nível, ative a opção **«Inverter verticalmente»**. Para optar pela direção invertida de alteração da largura da janela, ative a opção **«Inverter horizontalmente»**.

Clique em **«OK»** para aplicar as configurações ou em **«CANCELAR»** para desistir. Para recuperar as configurações originais da ferramenta, clique no botão **«POR PADRÃO»**.

Se a tabela de cores «Intensidade alta» ou «Intensidade baixa» estiver definida como a atual, então, independentemente do método de edição selecionado, um método não linear dependente da velocidade de movimento do cursor é aplicado, com os seguintes parâmetros: coeficiente de sensibilidade — 0,1, grau — 1,5.

2.18 Lupa

A ferramenta **«Lupa»** permite aumentar os tecidos em múltiplos de 2 até 32 (Fig. 2.29).

Para aumentar os tecidos, realize os seguintes passos:

1. Ative a ferramenta **«Lupa»**, clicando no botão como botão esquerdo, direito ou do meio do mouse e mova o cursor para baixo para navegar para a próxima imagem e acima para a anterior, mantendo pressionado o botão do mouse que foi usado para ativar a ferramenta. Mais detalhes sobre a gestão de ferramentas na Seção 1.14.

2. Para visualizar a área de interesse dos tecidos, coloque o cursor do mouse sobre ela.

3. Para aumentar a multiplicação da ferramenta, clique com o botão esquerdo do mouse, e para diminuir, direito, pressionando no teclado a tecla **Alt** (ou a tecla **Option** para o macOS).

4. O raio e a multiplicação da lupa são definidos na caixa de diálogo **«Opções da lupa»**. Para abri-lo, clique na seta no botão e selecione **«Opções...»**.

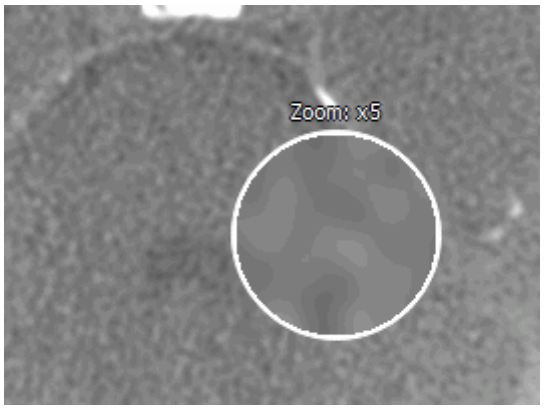


Figure 2.29: Ferramenta **«Lupa»**

2.19 Medições

Para imagens de projeção (por exemplo, frames de raios X) deve-se utilizar a ferramenta «Calibração» (Seção 2.37), para evitar erros devidos à diferença dos tamanhos nas imagens com os tamanhos reais

As medições são realizadas com a resolução dos pixels da tela. Já que o tamanho do pixel da tela é menor que o tamanho do pixel da imagem de entrada, a resolução de fato das medições lineares corresponde ao tamanho do pixel da imagem de entrada. As medições de densidade também possuem resolução. A menor resolução de medição de densidades é dada pela interpolação bilinear (Seção 2.5).

Para medir parâmetros diferentes, são usadas as ferramentas **«Régua»**, **«Régua poligonal»**, **«Ângulo»**, **«Ângulo de Cobb»**, **«Valor de ponto»**, **«Retângulo ROI»**, **«Elipse ROI»**, **«Polígono ROI»**. Para selecionar uma dessas ferramentas, clique na seta no botão de seleção da ferramenta. Dependendo de qual ferramenta for selecionada, o botão possui uma aparência diferente:

	«Régua» (selecionado por padrão)
	«Régua poligonal»
	«Ângulo»
	«Ângulo de Cobb»
	«Valor de ponto»

	«Retângulo ROI»
	«Elipse ROI»
	«Polígono ROI»
	«Índice cardiotorácico»[PRO]
	«Distância TT-TG»[PRO]

Se for necessário ativar ou desativar a ferramenta que já está selecionada, basta clicar na parte esquerda do botão de seleção da ferramenta. Se alguma ferramenta estiver ativada, o botão é destacado. Os objetos desenhados são salvos na janela enquanto estiver aberta, assim como movidos, escolonados e girados juntos com a imagem.

Se a série estiver aberta em várias janelas ou abas, as medições feitas em qualquer janela aparecem em todas as outras.

2.19.1 Medições lineares

Para medir uma distância no frame, realize as seguintes ações:

1. Ative a ferramenta **«Régua»**, clicando no botão com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para continuar trabalhando com a ferramenta, utilize o mesmo botão usado para ativá-la. Mais detalhes sobre a gestão de ferramentas na Seção 1.14.

2. É possível medir uma distância de duas maneiras:

   - marque com o clique do mouse o primeiro ponto. Mova o cursor pela tela. Próximo à linha aparecerá a distância a partir do ponto inicial até o ponto atual. Para fixar o ponto atual, clique com o mouse;
   - clique no botão do mouse no ponto inicial da medição, e, pressionando o botão do mouse, mova o cursor para o ponto final. Próximo à linha aparecerá a distância a partir do ponto inicial até o ponto atual. Para fixar o ponto final das medições, solta o botão do mouse.

3. Para cancelar uma medição incompleta, pressione o botão **Esc** no teclado.

A ferramenta também está disponível no menu de imagem na seção **«Imagem»** do menu principal. A ativação é possível apenas com o botão esquerdo do mouse.

Os resultados das medições não são salvos no arquivo do projeto. Para salvar os resultados das medições, exporte a imagem atual para o arquivo (ver Seção 2.28) ou utilize as linhas marcadoras (ver Seção 5.12.3).

2.19.2 Visualizar ângulos entre réguas de intersecção

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite visualizar os ângulos principais e adjacentes. Ao utilizar a ferramenta **«Régua»** no separador **«Visualizador de imagens»**, **«Reconstrução MPR»** **«Análise de vasos»**, **«Análise das artérias coronárias»**, **«Análise PET»** e **«Análise cardíaca»**.

Para ativar a visualização do ângulo entre as **«Régua»**, selecione a opção correspondente na caixa de diálogo **«Opções de ferramenta»** defina o sinal **«Show angles between rulers»**[PRO] na caixa de diálogo **«Opções de ferramenta»**. A bandeira está definida por defeito. Opcionalmente, selecione a opção para a ativar. Mostrar apenas o ângulo principal ou mostrar o ângulo principal e os ângulos adjacentes (consulte a Secção 2.19.10).

O ângulo principal entre as ferramentas da **«Régua»** é apresentado como um arco simples. O ângulo adjacente é apresentado como um arco duplo. O valor do ângulo é apresentado numa etiqueta separada, em graus.

2.19.3 Medidas poligonais

Siga os passos abaixo para efetuar a medição:

1. Ative a ferramenta **«Régua poligonal»**, clicando em com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para manipular ainda mais a ferramenta, utilize o botão com o qual foi ativada. Ver Seção 1.14 para mais informações sobre gestão de ferramentas.
2. Marcar o primeiro ponto clicando sobre ele.
3. Mova o ponteiro do mouse através da tela. A distância é exibida ao lado da linha desde o ponto de partida até ao ponto atual.
4. Para fixar o ponto atual, clique com o mouse.
5. Repetir os passos 3 e 4 até que o penúltimo ponto seja colocado.
6. Colocar o último ponto com um duplo clique.
7. Para cancelar uma medição incompleta, pressionar a tecla **Esc** no teclado.

Para mover um ponto de medição linear poligonal, proceder da seguinte forma:

1. Mova o cursor para o ponto a ser movido.
2. Manter pressionado um dos botões do mouse e mover o ponto.

Para apagar um ponto, siga os passos abaixo:

1. Mova o cursor para o ponto a ser eliminado.
2. Clique com o botão direito do mouse e selecione **«Remover ponto»**.

Para acrescentar um ponto, siga os passos abaixo:

1. Coloque o cursor onde pretende acrescentar um ponto.

2. Clique com o botão direito do mouse e selecione **«Inserir ponto»**.

A ferramenta está também disponível no menu de contexto de imagem e na seção **«Imagem»** do menu principal. A ativação só é possível com o botão esquerdo do mouse.

Os resultados das medições não são guardados na pasta do projeto. Para guardar os resultados das medições, exporte a imagem atual para uma pasta (ver Seção 2.28) ou utilize linhas de marcação poligonais (ver Seção 5.12.4).

2.19.4 Ângulos de medição

Para medir o ângulo, proceder da seguinte forma

1. Ätive a ferramenta **«Ângulo»**, pressionando o botão à esquerda, o direito ou do meio do mouse. Para continuar a trabalhar com a ferramenta, utilize a alavanca ejetora. Utilize o botão que foi utilizado para ative a ferramenta. Para mais informações sobre o controle das ferramentas, ver Seção 1.14.

2. Colocar dois pontos na fotografia clicando com o mouse. O segundo ponto é o vértice do canto.

3. Mova o cursor do mouse à volta da tela para definir o outro lado do ângulo.

4. Para fixar o segundo lado do canto, clique com o mouse.

5. Para cancelar uma medição incompleta, pressionar a tecla **Esc** no teclado.

O DICOM Viewer permite-lhe selecione o número de ângulos necessários.

A ferramenta está também disponível no menu de contexto de imagem e na seção **«Imagem»** do menu principal. A ativação só é possível com o botão esquerdo do mouse.

Os resultados das medições não são guardados na pasta do projeto. Para guardar os resultados das medições, exporte a imagem atual para uma pasta (ver Seção 2.28) ou utilize linhas de marcação poligonais (ver Seção 5.12.4).

2.19.5 Medição de ângulos Cobb

Para medir o ângulo Cobb, proceder da seguinte forma:

1. Ätive a ferramenta **«Ângulo de Cobb»**, pressionando o botão à esquerda, o direito ou do meio do mouse. Para continuar a trabalhar com a ferramenta, utilize a alavanca ejetora. Utilize o botão que foi utilizado para ative a ferramenta. Para mais informações sobre o controle das ferramentas, ver Seção 1.14.

2. Desenhar uma linha que percorre a borda de uma das vértebras. Para isso, clique nos dois pontos pelos quais a linha deve passar.

3. Traçar uma linha do mesmo modo para a segunda vértebra.

4. Para cancelar uma medição incompleta, pressionar a tecla **Esc** no teclado.

Para personalizar a exibição de opções adicionais, passe o rato sobre uma dimensão ou valor de dimensão. Pressione o botão direito do rato e selecione **«Opções de ferramenta...»** no menu de contexto.

Na caixa de diálogo **«Opções de ferramenta»**, insira um nome para a medida, defina a cor, a espessura da linha e o tamanho do texto que exibe o valor da medida do ângulo. Para ter o valor da medição associado ao ângulo que está sendo medido com uma linha pontilhada, defina o sinalizador **«Nota de rodapé»**.

Defina o sinalizador **«Ângulo adjacente»** para exibir o valor do ângulo adjacente.

Para exibir o valor do ângulo na interseção dos segmentos, defina o sinalizador **«Mostrar interseção»**. Se a opção estiver desativada ou os segmentos não se intersectarem, apenas o valor do ângulo é exibido no ponto de interseção das normais. Em Fig. 2.30 a opção **«Mostrar interseção»** está desactivada e na Fig. 2.31 está activada.

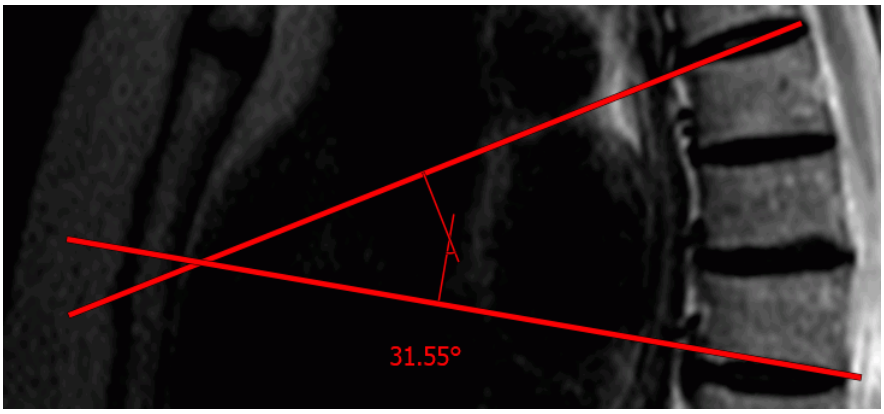


Figure 2.30: A opção «Mostrar interseção» está desactivada

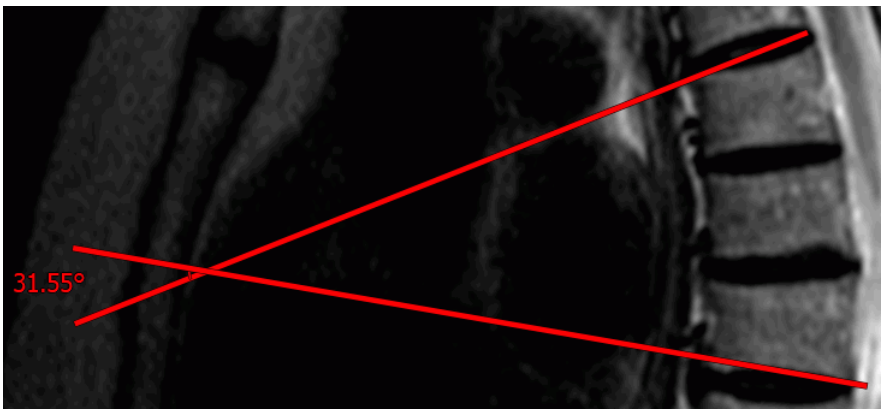


Figure 2.31: A opção «Mostrar interseção» está activada

Para definir essas configurações como padrão para novas medições, defina o sinalizador **«Definir por padrão»**.

Para aplicar as configurações, clique em **«OK»**, para cancelar as alterações, clique em **«CANCELAR»**.

Para excluir uma medição, passe o rato sobre ela, clique com o botão direito do rato e selecione o comando **«Remover objeto»**. Mais detalhes na Seção 2.19.13.

A ferramenta está também disponível no menu de contexto de imagem e na seção **«Imagem»** do menu principal. A ativação só é possível com o botão esquerdo do mouse.

Os resultados das medições não são guardados na pasta do projeto. Para guardar os resultados das medições, exporte a imagem atual para uma pasta (ver Seção 2.28) ou utilize linhas de marcação poligonais (ver Seção 5.12.4).

2.19.6 Medição de intensidade no ponto

Ao utilize um filtro de interpolação não-bilinear pode haver imprecisões consideráveis nas medições de intensidade em um ponto. Neste caso, o valor de intensidade é exibido com com um asterisco. Para uma medição mais precisa, deve-se utilize um filtro de interpolação bilinear (Seção 2.5).

Para medir a intensidade em um determinado ponto, proceder da seguinte forma:

1. Ätive a ferramenta **«Valor de ponto»**, pressionando o botão à esquerda, o direito ou do meio do mouse. Para continuar a trabalhar com a ferramenta, utilize a alavanca ejetora. Utilize o botão que foi utilizado para ative a ferramenta. Para mais informações sobre o controle das ferramentas, ver Seção 1.14.

2. Clique sobre o ponto de interesse.

O ponto é marcado na imagem e o valor da intensidade é exibido junto a ela. O valor da intensidade é exibido no formato *«k HU»* (para exames de KT) ou *«k»*, onde *k* é o valor de intensidade no ponto. Se a medição não for exata, ao lado do valor é fixado um asterisco «*».

Se tiver sido aplicado um filtro à imagem, é apresentado um «*» é apresentado junto ao valor da intensidade no ponto para informar o utilizador de que os resultados da medição dependem do filtro aplicado (secção 2.6).

A imagem com o filtro sobreposto não é original e os resultados da medição podem ser imprecisos.

Para ajustar as configurações de exibição de intensidade em um ponto, mova o cursor para sobre o valor de intensidade ou ponto na imagem. Clique com o botão direito do mouse e selecione **«Opções de ferramenta...»** no menu de contexto. Na janela **«Opções de ferramenta»**, introduza um nome de medida, cor e tamanho de texto pelo qual é exibido o valor de intensidade. Para que o valor de intensidade seja ligado ao ponto com uma linha pontilhada, selecione o marcador **«Nota de rodapé»**. Para que os dados da configuração sejam utilizados como padrão para novas medições, marque a opção **«Definir por padrão»**.

Para aplicar as configurações, pressione **«OK»**. Para cancelar as alterações, pressione **«CANCELAR»**.

Para apagar uma medição, mova o cursor sobre ela, clique com o botão direito do mouse e selecione o comando **«Remover objeto»**.

A ferramenta está também disponível no menu de contexto de imagem e na seção **«Imagem»** do menu principal. A ativação só é possível com o botão esquerdo do mouse.

Os resultados das medições não são guardados na pasta do projeto. Para guardar os resultados de medições, exportar a imagem atual para uma pasta (ver Seção 2.28).

2.19.7 Medição do valor médio e desvio padrão de intensidade na área

Para medir o valor médio e o desvio padrão da intensidade, faça como se segue:

1. Ätive uma das ferramentas **«ROI ...»** — retângulo , elipse , polígono) à esquerda, o direito ou do meio do mouse. Para continuar a trabalhar com a ferramenta, utilize a alavanca ejetora. Utilize o botão que foi utilizado para ative a ferramenta. Para mais informações sobre o controle das ferramentas, ver Seção 1.14.

2. Um retângulo pode ser construído de duas maneiras:

   - clique onde deve ser localizado o primeiro vértice do retângulo. Mova o cursor do mouse para a posição do ângulo oposto. O retângulo aparecerá na tela. Para fixar o segundo canto do retângulo, clique com o botão do mouse;
   - clique onde deve ser localizado o primeiro vértice do retângulo e, mantendo pressionado o botão do mouse, mova o cursor para o vértice oposto. O retângulo será formado na tela. Para fixar o ponto, solte o botão do mouse.

3. Para desenhar uma elipse,, basta desenhar um retângulo no qual ela é circunscrita.

4. Para desenhar um polígono, Para desenhar um polígono os seus vértices, e clique duas vezes para terminar.

5. Para cancelar uma medição incompleta, pressionar a tecla **Esc** no teclado.

A ferramenta está também disponível no menu de contexto de imagem e na seção **«Imagem»** do menu principal. A ativação só é possível com o botão esquerdo do mouse.

As seguintes opções são apresentadas ao lado da área em destaque:

- valor mínimo de intensidade;
- valor máximo de intensidade;
- valor médio da intensidade
- desvio padrão;
- perímetro da área;
- área da região.

Se for aplicado um filtro à imagem, os resultados da medição da ROI apresentarão um o símbolo «*» é para informar o utilizador de que os resultados de medição dependem do filtro aplicado (Secção 2.6).

A imagem com o filtro sobreposto não é original e os resultados da medição podem ser imprecisos.

Os resultados das medições não são guardados na pasta do projeto. Para guardar os resultados de medições, exportar a imagem atual para uma pasta (ver Seção 2.28).

2.19.8 Medição do índice cardiotorácico (CTR)

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para medir o índice cardiotorácico, siga os passos abaixo:

1. Ätive a ferramenta **«Índice cardiotorácico»**, pressionando o botão à esquerda, o direito ou do meio do mouse. Para continuar a trabalhar com a ferramenta, utilize a alavanca ejetora. Utilize o botão que foi utilizado para ative a ferramenta. Para mais informações sobre o controle das ferramentas, ver Seção 1.14.
2. Medir o diâmetro da caixa torácica, colocando pontos nos bordos internos da nona costela. (Pontos 1 e 2 na Fig. 2.32).
3. Traçar o eixo da coluna vertebral (pontos 3 e 4 da Fig. 2.32).
4. Medir o diâmetro transversal do coração, anotando os pontos mais afastados dos contornos esquerdo e direito (pontos 5 e 6 na Fig. 2.32).
5. Para cancelar uma medição incompleta, pressionar a tecla **Esc** no teclado.

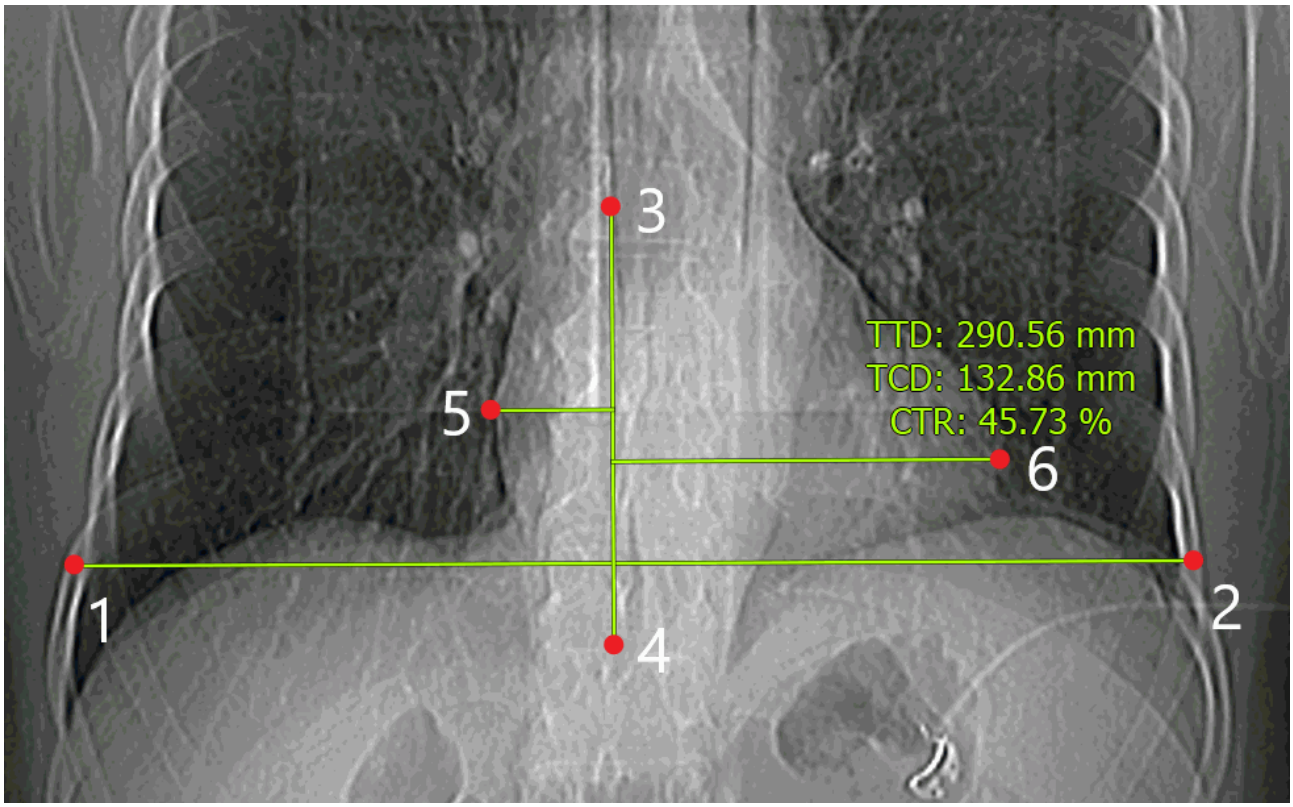


Figure 2.32: Medição do índice cardiotorácico

Os resultados são apresentados ao lado da medição construída:

- diâmetro torácico transversal **(TTD - transverse thoracic diameter)**, em milímetros;
- diâmetro cardíaco transverso **(TCD)**, em milímetros;
- índice cardiotorácico **(CTR)**, em percentagem.

A ferramenta está também disponível no menu de contexto de imagem e na seção **«Imagem»** do menu principal. A ativação só é possível com o botão esquerdo do mouse.

2.19.9 Medição da distância TT-TG

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Na ortopedia, a medição da distância TT-TG (Tuberosity —Trochlear Groove distance) é usada para avaliar a estabilidade da articulação do joelho, em particular a posição da patela (rótula). A distância TT-TG é a distância entre a tuberosidade tibial e o sulco troclear do fêmur.

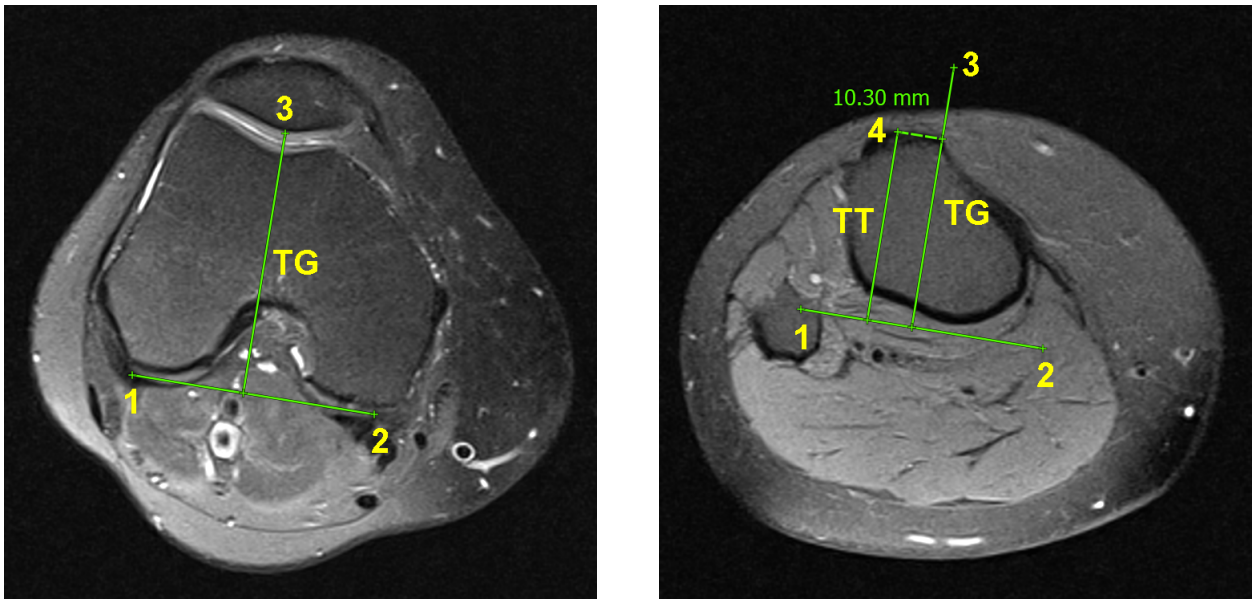
As séries das modalidades **CT** e **MR** adquiridas no plano axial são adequadas para a medição da distância TT-TG.

Para medir a distância TT-TG, proceda da seguinte forma:

1. Abra uma série adequada para a medição da distância TT-TG na janela de visualização de imagens planas.
2. Ative a ferramenta **«Distância TT-TG»**, clicando no botão com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para continuar trabalhando com a ferramenta, use o botão com o qual ela foi ativada. Para mais informações sobre o controle das ferramentas, consulte a Seção 1.14.
3. Selecione o corte do fêmur no qual o sulco troclear (tróclea femoral) é visualizado com mais nitidez. Trace a linha de base ao longo das margens posteriores dos côndilos, posicionando os pontos 1 e 2 (Fig. 2.33 «a»).
4. Trace uma perpendicular do ponto mais profundo do sulco até a linha de base, posicionando o ponto 3 (Fig. 2.33 «a»). A perpendicular forma a linha do sulco troclear **TG**.
5. Passe para o corte no qual a tuberosidade tibial se projeta mais anteriormente. Marque o centro dessa tuberosidade, posicionando o ponto 4 (Fig. 2.33 «b»). A perpendicular traçada até a linha de base forma a linha da tuberosidade tibial **TT**.

A distância entre as linhas **TT** e **TG** é exibida como uma linha pontilhada, e o resultado da medição é mostrado ao lado dela. As linhas construídas e o resultado da medição são exibidos nos dois cortes.

Para cancelar uma medição incompleta, pressione a tecla **Esc** no teclado.



a) b)

Figure 2.33: Medição da distância TT-TG

A ferramenta está também disponível no menu de contexto de imagem e na seção **«Imagem»** do menu principal. A ativação só é possível com o botão esquerdo do mouse.

2.19.10 Parâmetros de desenho

Para definir os parâmetros de desenho por padrão para as ferramentas de medição por padrão, proceda como se segue:

1. Pressione a seta do lado direito do botão de seleção de ferramentas.
2. Selecione **«Opções de ferramentas padrões...»**.
3. Na caixa de diálogo que se abre, defina a cor, clicando com o botão esquerdo do mouse sobre o quadrado colorido.
4. Defina a espessura da linha e o tamanho da fonte..
5. Defina as unidades de medida para dimensões e áreas lineares (milímetros ou centímetros).
6. Para ter o resultado ligado à medição com uma linha tracejada, colocar o marcador **«Nota de rodapé»**.
7. Para ativar a visualização dos ângulos entre as ferramentas de intersecção selecione a opção **«Régua»** e ative a bandeira **«Show angles between rulers»**[PRO]. Por predefinição, a bandeira está ativada.
8. Selecione as opções de visualização dos ângulos:
   - Selecionar a opção **«Apenas um»**[PRO]para mostrar apenas o ângulo principal;;

- Para mostrar o ângulo principal e os cantos adjacentes, selecione a opção **«Ambos (incl. ângulo adjacente)»)**[PRO]. A opção selecionada é a predefinida.

9. Para aplicar as configurações, pressione **«OK»**. Para cancelar as alterações, pressione **«CANCELAR»**.

Você também pode abrir as opções de renderização a partir do menu de contexto de imagem e a partir da seção **«Imagem»** do menu principal.

Estas configurações só serão válidas para as medições efetuadas na janela de visualização de imagens planas. Para a janela MPR, configurações semelhantes são guardadas separadamente.

Para alterar os parâmetros de renderização de uma medição existente, proceda da seguinte forma:

1. Coloque o cursor sobre a medida de modo que a linha ou o ponto fique em negrito.

2. Clique com o botão direito do mouse.

3. No menu de contexto que se abre, selecione **«Opções de ferramenta...»**.

4. Na caixa de diálogo que se abre, definir os parâmetros da mesma forma que para os parâmetros de imagem por padrão. Especifique um nome de medição se necessário.

2.19.11 Mover medidas

Para mover uma medição, proceder da seguinte forma:

1. Coloque o cursor sobre a medição de modo a que a linha ou o ponto fique em negrito, ou a marcação cruzada do ponto aumente de tamanho.

2. Deslocar a medição, mantendo premido o botão esquerdo do rato ou o botão ao qual esta ferramenta está atribuída. Para mais informações sobre o controle das ferramentas, ver Seção 1.14.

2.19.12 Mover os resultados das medições

Para mover o resultado da medição, proceder da seguinte forma:

1. Colocar o cursor sobre a medida de modo a que seja realçada por uma moldura pontilhada.

2. Deslocar o resultado da medição, mantendo premido o botão esquerdo do rato ou o botão ao qual esta ferramenta está atribuída. Para mais informações sobre o controle das ferramentas, ver Seção 1.14.

Passar o cursor sobre uma medição realça o resultado da medição e vice-versa.

2.19.13 Eliminação de medições

Para apagar anotações e medições, colocar o cursor na medição para realçar uma linha ou um ponto e premir a tecla **Delete** no teclado, ou clicar com o botão direito do rato e selecionar a opção **«Remover objeto»** no menu de contexto.

Para apagar todas as medições, pressionar o botão **«Excluir todas as anotações e medidas»** na barra de ferramentas ou selecione o item correspondente na seção **«Imagem»** do menu principal. No diálogo de confirmação que se abre, pressione **«SIM»** para apagar ou **«NÃO»** para cancelar. Para evitar que este diálogo volte a aparecer, marque a opção **«Não mostrar mais este aviso»**. Pressione o botão **«SIM»**. Para regressar ao diálogo. Para que o diálogo apareça novamente, marque a opção **«Perguntar antes de excluir todas as anotações e medidas»** (Seção 16.7.1).

Note que todos os outros serão eliminados ao mesmo tempo objetos gráficos criados manualmente.

2.19.14 Medição de distância e área em exames de ultrassom

Com os instrumentos **«Régua»**, **«Régua poligonal»**, **«ROI retângulo»**, **«ROI elipse»** e **«ROI polígono»** podem ser utilizados para efetuar medições de dimensões lineares e áreas em exames de ecografia. Exames de ecografia (séries com a modalidade **«US»**).

A série de exames de ultrassom pode conter informações que indicam áreas na imagem com um tamanho de pixel específico.

Se as ferramentas de medição forem aplicadas a uma área da imagem na qual é definido um tamanho de pixel, as medições de dimensões lineares e de áreas na imagem são realizadas nas unidades selecionadas nos parâmetros da ferramenta (ver secção 2.19.10).

Se uma linha ou parte da área de medição se estender para além da área em que o tamanho do pixel está definido, então a linha ou parte da área de medição será medida em pixels.

Se não existirem dados na série que definam as áreas em que o tamanho do pixel é definido. Neste caso, as medidas lineares e as áreas são apresentadas em píxeis.

2.19.15 Medição do valor do intervalo de tempo e da velocidade do fluxo sanguíneo. Em exames de ecografia.

Com as ferramentas poligonais **«Régua»** e **«Régua poligonal»** podem ser efetuadas medições de Valores de lapso de tempo e velocidade do fluxo sanguíneo em exames de ecografia (séries **«US»**) de com Dopplergramas.

No caso do instrumento «Régua poligonal» os valores do intervalo de tempo e da velocidade do fluxo sanguíneo só sã a velocidade do fluxo sanguíneo só é visualizada se a medição for efetuada em dois pontos.

Quando é efetuada uma medição, o Dopplergrama apresenta o respetivo valor no formato **«X: x s Y: y cm/s»**.
Em que «x» é o valor do intervalo de tempo com aproximação ao centésimo. As unidades de medida são: —segundos (s);
«y» é o valor da velocidade do fluxo sanguíneo, arredondado ao centésimo mais próximo. A unidade de medida é cm/s.

Se a medição for efetuada fora da área do Doppler, total ou parcialmente, O tamanho linear é apresentado junto ao segmento que está a ser traçado. As unidades de medida dependem do algoritmo atual e das definições do programa.

Se nenhuma das áreas da imagem for adequada para determinar os valores do intervalo de tempo ou da velocidade do fluxo sanguíneo. Nesse caso, o tamanho linear é apresentado junto ao segmento em construção quando a medição é efetuada. Neste caso, as unidades de medida dependem, dependendo do algoritmo atual e das definições do programa.

2.20 Módulo de Análise de Perfusão

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Para a avaliação dos parâmetros de perfusão são adequados:

- séries de ressonância magnética multifásica. O número recomendado de fases para avaliação da perfusão do cérebro é de pelo menos 40;
- série CT multifásica.

2.20.1 Abrindo uma série no módulo de análise de perfusão

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Para abrir uma série no módulo de análise de perfusão, proceder da seguinte forma as ações principais são as seguintes:

1. Abrir uma série adequada para exame na janela de visualização de imagens planas.
2. Certifique-se de que as imagens estão ordenadas por número e fase (mais informações sobre a ordenação, ver Seção 2.1).
3. No menu principal **«Imagem»**, selecione **«Perfusão»**.

O painel de estimativa dos parâmetros de perfusão abre-se no lado direito da janela (Fig. 2.34).

O painel de perfusão contém dois separadores: **«Geral»** e **«Perfusão de cérebro»**. A aba **«Geral»** avalia os parâmetros da análise geral da perfusão de diferentes tecidos. A aba de **«Perfusão de cérebro»** avalia os parâmetros de perfusão do tecido do cérebro.

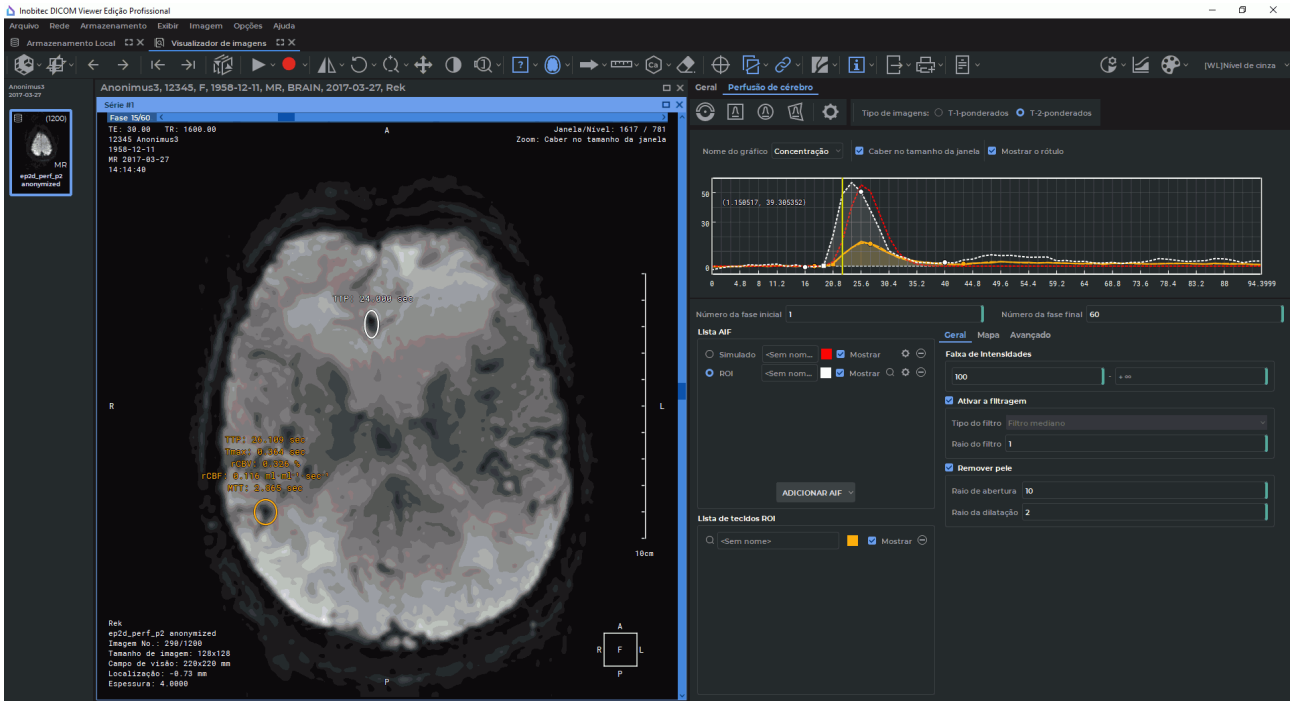


Figure 2.34: Modo de avaliação dos parâmetros de perfusão

Se o intervalo de tempo entre fases não puder ser determinado automaticamente, quando o painel de perfusão for aberto, é exibida uma caixa de diálogo (Fig. 2.35), na qual é necessário definir o intervalo de tempo entre fases (ver Seção 2.20.2).

Se a série não for adequada para exame ou se as imagens não forem ordenadas por número e a fase, a mensagem de aviso **«Série atual não é apropriada para análise de perfusão»**.

2.20.2 Definição do intervalo de tempo no painel de perfusão

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

O intervalo de tempo entre fases é determinado automaticamente com base nas marcadores DICOM. As marcadores utilizadas para definir o intervalo de tempo são as seguintes, por ordem decrescente de prioridade;

- *AcquisitionDate (0008,0022)* e *AcquisitionTime (0008,0032)*;
- *AcquisitionDateTime (0008,002A)*;
- *FrameAcquisitionDateTime (0018,9074)*;

- *ContentDate (0008,0023)* e *ContentTime (0008,0033)*;

- *TriggerTime (0018,1060)*.

Se o intervalo de tempo entre fases não puder ser determinado automaticamente, a caixa de diálogo **«Configurações de perfusão»** é exibida quando o painel de perfusão é aberto (Fig. 2.35).

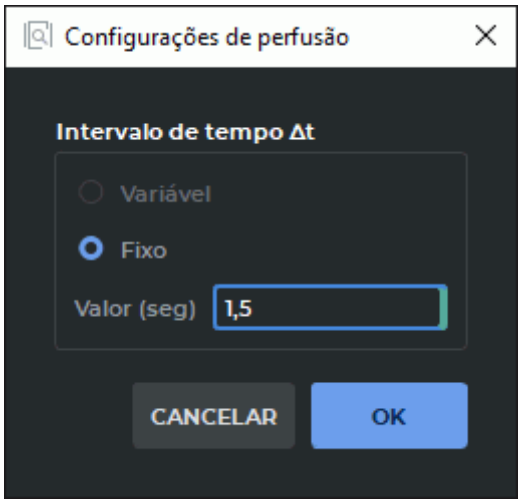


Figure 2.35: Caixa de diálogo de «Configurações de perfusão»

No bloco de configurações **«Intervalo de tempo Δt»**, selecione o tipo de intervalo de tempo entre as fases, colocando a chave seletora na posição correspondente.

Se, ao abrir o painel de perfusão, for detectado automaticamente um tipo de intervalo variável na série, o seletor **«Variável»** estará disponível e será definido por padrão. Para séries com tipo de intervalo fixo, o seletor **«Fixo»** será definido por padrão, e a seleção do seletor **«Variável»** estará indisponível.

No campo **«Valor (seg)»**, o usuário pode alterar o valor do intervalo fixo em segundos. O valor deve ser $\geq$0,01.

Clique em **«OK»** para aplicar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelá-las. Para redefinir as configurações para os valores que foram definidos automaticamente ao abrir o painel de perfusão para a série atual, clique em **«POR PADRÃO»**. Se as tags da série não contiverem dados para determinar o intervalo de tempo, o botão **«POR PADRÃO»** ficará oculto.

Após alterar o intervalo de tempo entre as fases, recalcule todos os parâmetros do conjunto de tecidos ROI e parâmetros dos mapas.

Para tentar inserir novamente o intervalo de tempo entre as fases, clique no botão **«Opções»** no painel de perfusão.

Os gráficos de ROI do tecido e AIF são construídos levando em conta o intervalo entre as fases (consulte a Seção 2.20.3). O passo da escala horizontal do gráfico é igual ao intervalo de tempo entre as fases (Fig. 2.36).

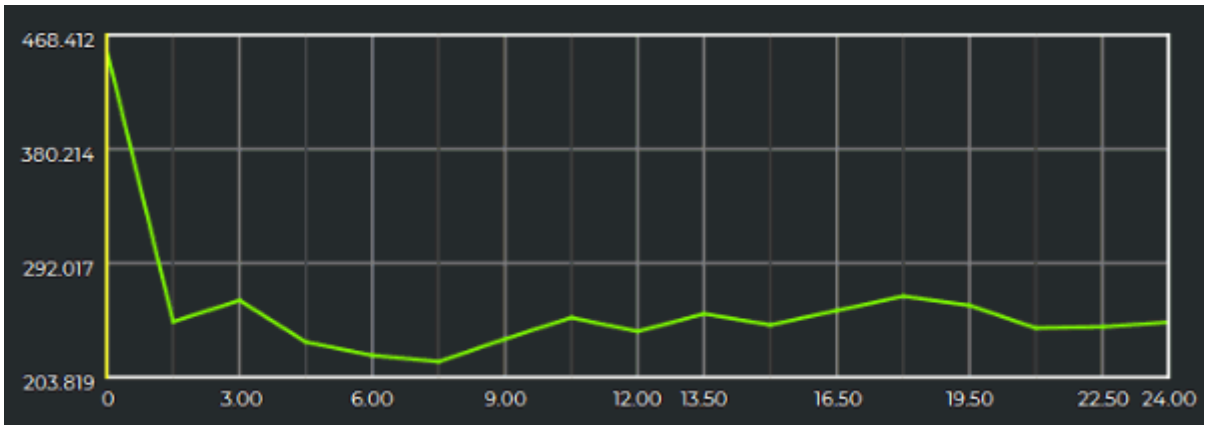


Figure 2.36: Intervalo de tempo entre as fases no gráfico

2.20.3 Avaliação dos parâmetros de perfusão cerebral

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Para avaliar os parâmetros de perfusão cerebral, clique na aba **«Perfusão de cérebro»**.

Para adicionar uma função simulada de entrada arterial (AIF), proceder como se segue as seguintes ações:

1. Pressione o botão **«Adicionar AIF»**. Para criar uma AIF simulada, no menu de contexto, selecione **«Simulado»** a partir da lista abaixo.
2. Definir os seguintes parâmetros AIF:
   - **«Hora de chegada»** (tempo antes do início da primeira passagem de bolus);
   - **«Tempo de pico»**;
   - **«Valor de pico»**;
   - **«Acuidade»**.

O gráfico mostra a FIA simulada calculada com base nos parâmetros indicados.
Pressione **«OK»** para criar uma AIF simulada, ou **«CANCELAR»** para cancelar.
Para adicionar uma AIF utilizando o ROI, siga os passos abaixo:

1. Localizar a imagem que mostra a artéria.
2. Ative uma das ferramentas **«Retângulo ROI»**, **«Elipse ROI»** ou **«Polígono ROI»** no painel de avaliação dos parâmetros de perfusão com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para continuar a trabalhar com a ferramenta, utilize o

botão que foi utilizado para ative a ferramenta. Para mais informações sobre as ferramentas de controle, ver Seção 1.14.

3. Clique no botão **«Adicionar AIF»**, selecione **«ROI»** na lista de contexto.

4. Construa em torno da artéria ROI. Na parte inferior do painel de estimativa de parâmetros do perfusão são apresentados gráficos para cada pixel do ROI. O gráfico ROI AIF é mostrado como um gráfico médio dos gráficos dos pixels selecionados. Por padrão, todos os pixels são selecionados.

5. Para corrigir o ROI AIF construído, selecione um ou mais gráficos para os pixels do ROI. Para selecione vários gráficos de pixels, selecione estes gráficos com um clique no tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) esquerdo do mouse e segure. Por padrão, são selecionados todos os gráficos dos pixels. Ao alterar o ROI, os gráficos de pixels selecionados são excluídos. Pressione **«OK»** para criar uma AIF utilizando o ROI, ou **«Cancelar»** para cancelar.

6. Para limitar o intervalo de fases para as quais os parâmetros são calculados, introduza o número da fase inicial e o número da fase final nos campos apropriados e pressione a tecla **Enter** no teclado ou mova os limites de intervalo no gráfico. Para isso, coloque o cursor sobre o limite, de modo a que se pareça com ↔ , e mova o limite com o mouse enquanto mantém pressionado o botão da esquerda.

7. Se o pico do gráfico de intensidade for dirigido para baixo, o marcador **«Tipo de imagens»** deve ser ajustado para para **«T-2-ponderados»** (valor por padrão), ou **«T-1-ponderados»**. A configuração **«Tipo de imagens»** só é utilizada para a série de exames de ressonância magnética.

A AIF adicionada é apresentada no painel da **«Lista AIF»**. Se uma AIF for modelada, o seu nome começa com a palavra «Simulado». Se construída com ROI então aparece com a palavra «ROI». Para nomear a AIF, clique com o botão esquerdo do mouse no campo do nome e introduza o nome. Os gráficos de todas as FIA são mostrados tracejados. Para aplicar uma AIF específica, clique no marcador AIF apropriado. Para mostrar ou esconder uma AIF específica selecione a AIF e marque ou desmarque a caixa **«Mostrar»**. Para alterar a seleção de píxels ROI, clique no botão **«Opções»** para a AIF correspondente. Para ir para a imagem em que a AIF foi criada, clique em à direita do nome. Para apagar a AIF selecionada, pressione o botão **«Excluir»**.

Podem ser apresentados no gráfico:

- valores de intensidade (para AIF c ROI, ROI do tecido);
- valores de concentração (para todos os tecidos AIF, ROI);
- valores de resposta (para ROI do tecido).

Na lista pendente acima do horário, selecione o seu nome: **«Intensidade»**, **«Concentração»** ou **«Resposta»**. O gráfico **«Resposta»** é traçado para o ROI do tecido com base em dados da AIF selecionada.

O eixo das abcissas mostra o tempo, o eixo das ordenadas a intensidade, a concentração ou concentração relativa em bolus (depende do gráfico escolhido).

Para mover o gráfico sobre o eixo vertical, mover para cima e para baixo o mouse com o botão esquerdo enquanto se mantém pressionada a tecla **Shift** no teclado. Para alterar a escala do gráfico, mova o mouse para cima e para baixo com o botão esquerdo pressionado mantendo pressionada a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) no teclado. O marcador **«Caber no tamanho da janela»** ajusta o tamanho do gráfico para tamanho da janela. É definido por padrão. A caixa de verificação **«Mostrar o rótulo»** permite a exibição dos valores no ponto onde se encontra o cursor. O maracador é definido por padrão.

Os seguintes pontos-chave são mostrados no gráfico de concentração ROI:

- ponto em que o bolus começa a passar através do tecido ROI (ponto redondo);
- ponto de pico de concentração de bolus no tecido ROI (ponto redondo);
- ponto de pico de concentração de bolus no tecido ROI (ponto redondo);
- ponto do ângulo de inclinação máxima da curva de concentração (ponto quadrado).

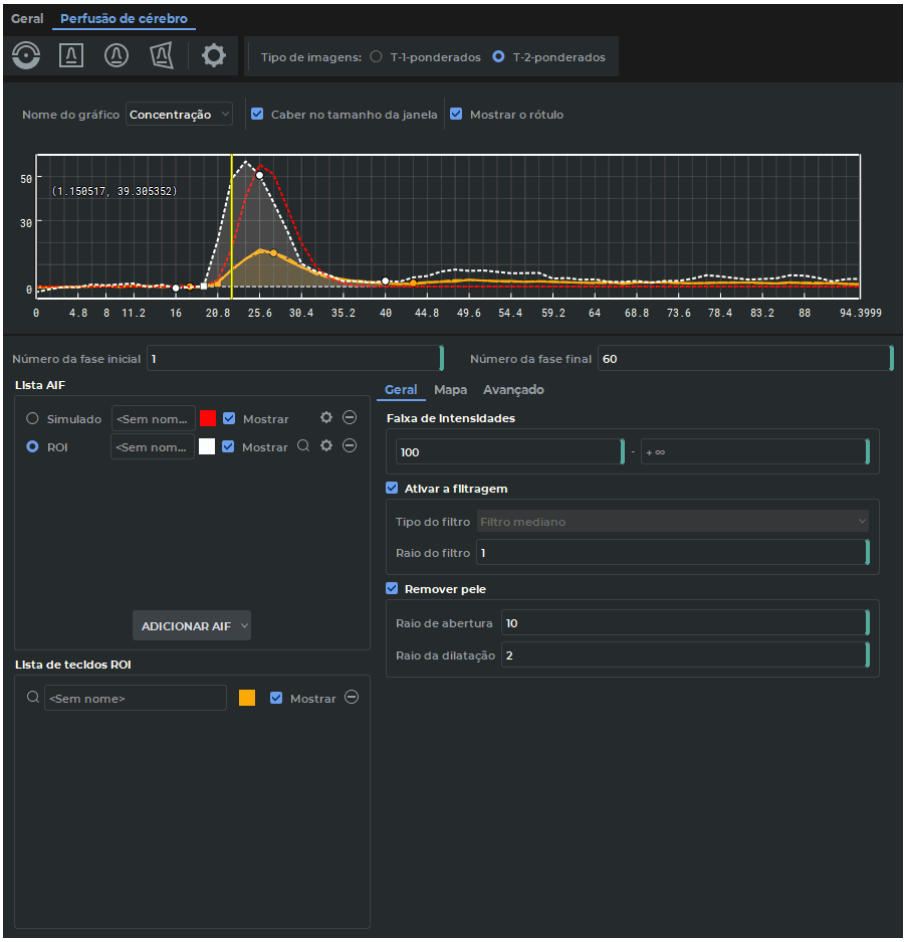


Figure 2.37: Painel de ««Perfusão de cérebro»

Para construa um ROI para medir a intensidade, a concentração e o valor do retorno, execute os seguintes passos:

1. Ative uma das ferramentas **«Valor de ponto»**, **«Retângulo ROI»**, **«Elipse ROI»** ou **«Polígono ROI»** com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para utilização posterior da ferramenta, utilize o botão que foi utilizado para ativar a ferramenta. Leia mais sobre isso na Seção 1.14.

2. Construa um objeto ROI para a área de interesse.

3. No aba **«Geral»**, ajuste as configurações:

   - no bloco **«Faixa de intensidades»**, defina a intensidade mínima e máxima do valor do intervalo de intensidade de pixels. Um pixel satisfaz a gama indicada se pelo menos um valor do gráfico de intensidade construído pelas fases coincidir à gama indicada. As seguintes condições devem ser observadas durante a inserção:
     - os valores a introduzir devem ser números inteiros;
     - o valor da intensidade no campo de entrada à esquerda deve ser inferior ao valor do lado direito.

     Valores por padrão: de 100 a $+\infty$ para séries IRM e 0 a 300 para séries CT. Se o ROI construído não contiver pixels que satisfaçam à gama de intensidade selecionada, o gráfico para esse ROI não é mostrado.
   - o bloco **«Ativar a filtragem»** permite/desabilita a aplicação de anti-aliasing aos gráficos de intensidade dos pixels para aumentar a relação sinal-ruído. O filtro é ligado por padrão;
     - na lista pendente **«Tipo do filtro»** elecione o tipo de filtro a aplicar. A configuração por padrão é **«Filtro mediano»**. Neste momento, penas um algoritmo para a conversão de dados brutos é utilizado com um filtro mediano. No futuro, a lista de filtros será expandida;
     - introduza um valor em pixels no campo **«Raio do filtro»**. Podem ser inseridos apenas valores inteiros ≥ 1. O raio do filtro determina o grau de suavização (Quanto maior for o valor, maior será o grau de suavização).

     O raio de filtragem padrão é 1 para a série IRM e 3 para a série CT.
   - o bloco **«Remover pele»** permite/desativa a aplicação de operações morfológicas ao apagar os pixels da pele O bloco é ligado por padrão. Insira nos campos **«Raio de abertura»** e **«Raio da dilatação»** valores inteiros. Por padrão, o valor do campo **«Raio de abertura»** é 10, e os campos **«Raio da dilatação»**, 2.

Os ROIs construídos são apresentados no painel **«Lista de tecidos ROI»**.

Na parte superior do painel de avaliação de parâmetros de perfusão, são mostrados os gráficos de alteração dos valores de intensidade, concentração e resposta no período. Os gráficos destes parâmetros são mostrados como linhas sólidas. Para alternar entre os parâmetros **«Intensidade»**, **«Concentração»** e **«Resposta»**, selecione o valor requerido no menu de contexto **«Nome do gráfico»**.

As seguintes ações estão disponíveis com objetos de análise (AIF com ROI, do AIF simulado e tecidos ROI):

1. Renomeação.

2. Mudar de cor. Para isso, clique no botão colorido à direita do nome do AIF ou ROI.

3. Mudar a visibilidade. Para desativar a visibilidade, desmarque o marcador para os AIF ou ROI selecionados.

4. Movimentação para fases definidas. Se o paciente se mover durante o processo de scan, os tecidos para os quais o AIF e ROI devem ser construídos, devem são deslocados com as mudanças de fases. O DICOM Viewer permite que a AIF e o ROI sejam posicionados separadamente para cada fase. Para mover a AIF ou o ROI para a fase atual, durante o movimento, mantenha pressionada a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) para o movimento atual e SHIFT para todas as fases subsequentes. O veículo está equipado com a chave **Shift**. Para a fase atual e todas as subsequentes, utilize a tecla **Alt** (ou a tecla **Option** para o macOS). Não é possível alterar a dimensão do ROI com uma fase individual para a AIF. Portanto, ao alterar o tamanho do ROI de uma única fase ou subconjunto de fases muda conforme o tamanho do ROI das fases restantes. A alteração dos tamanho e posições do ROI do tecido afetam apenas o cálculo dos parâmetros da área selecionada no tecido.

5. Mudança para uma seção adjacente. Para mover a AIF ou o ROI para uma seção adjacente, selecione **«Mover ROI para o corte anterior»** no menu de contexto ou **«Mover ROI para o próximo corte»**.

6. Eliminação. Para isso, pressione o botão para a AIF ou a ROI selecionada.

Para ir para a imagem na qual a AIF ou a ROI foi construída, clique no botão .
Para o ROI, são calculados os valores dos seguintes parâmetros:

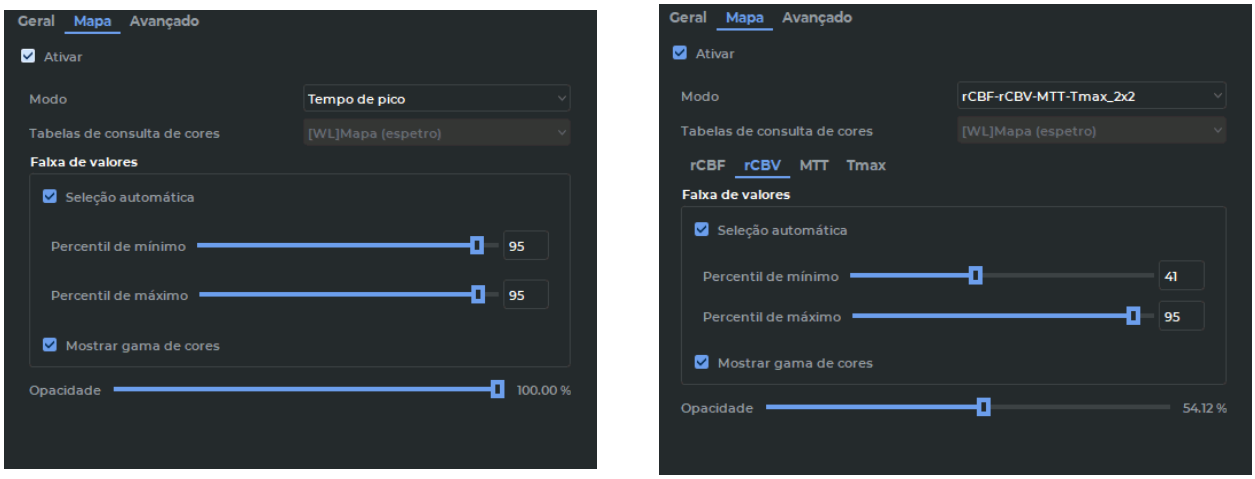
- **«Tempo de pico (TTP)»**;
- **«Fluxo sanguíneo cerebral (rCBF)»**;
- **«Volume sanguíneo cerebral (rCBV)»**;
- **«Tempo de pico de resposta (Tmax)»**;
- **«Tempo médio de trânsito (MTT)»**.

2.20.4 Modo de visualização de mapas

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Para ativar o modo de visualização do mapa, marcar a caixa **«Ativar»** na aba **«Mapa»** do painel de perfusão. Por padrão, o marcador de **«Ativar»** é desativado.



a) b)

Figure 2.38: Separador do «Mapa» no painel de perfusão

Selecione um dos modos predefinidos de visualização do mapa a partir da lista pendente **«Modo»**. Estão disponíveis dois modos de visualização de mapas:

- **simples**. Apresenta um mapa para um parâmetro de perfusão selecionado dentro da janela da série. Está disposto na lista **«Modo»** como: *<Nome completo do parâmetro>*, por exemplo, *«Tempo de pico»* (Fig. 2.38 «a»);

- **multimapas**. Mapas múltiplos de diferentes pararâmetros de perfusão para uma seção dentro da janela da série são exibidos ao mesmo tempo. É mostrado na lista **«Modo»** como: *<Nome do parâmetro curto 1>...<Nome do parâmetro curto l>_n×m*,
  onde $l=n\times m$;
  n é o número de linhas e m é o número de colunas de colocação de imagem na janela da série.
  Por exemplo, *«rCBF-rCBV-MTT-Tmax_2x2»* (Fig. 2.38 «b»). Na aba **«Mapa»**, é apresentado o painel de abas adicional com os parâmetros dos mapas.

Quando o modo multimapa é selecionado, os mapas são colocados automaticamente na janela da série. Quando a exibição de multimapa estiver definida, não é possível a colocação da imagem com o ponto correspondente do menu de contexto. Para sair do modo multimapa, selecione o modo simples ou desative a visualização do mapa, desmarcando o marcador **«Ativar»** da aba **«Mapa»**.

Na aba **«Geral»** estão disponíveis os seguintes modos:

- **«Tempo de pico»**;

- **«Área abaixo da curva»**;

- **«Inclinação máxima»**;

- **«TTP-Area-Inclinação_1x3»**.

Se for definida pelo menos uma AIF, a aba **«Perfusão de cérebro»** possui disponíveis os seguintes modos:

- **«Tempo de pico»**;
- **«Área abaixo da curva»**;
- **«Inclinação máxima»**;
- **«TTP-Area-Inclinação_1x3»**;
- **«Fluxo sanguíneo cerebral»**;
- **«Volume sanguíneo cerebral»**;
- **«Tempo médio de trânsito»**;
- **«Tempo de pico de resposta»**;
- **«rCBF-rCBV-MTT-Tmax_2x2»**.

Se não estiver definida nenhuma AIF, apenas os modos análogos aos da aba **«Geral»** ficam disponíveis.

Os parâmetros seguintes são definidos para o mapa:

- **«Tabelas de consulta de cores»**. Lista pendente de tabelas de cores que definem o espectro de cores do mapa. A configuração é definida para todos os mapas mostrados. A configuração padrão é a tabela de cores «[WL]Mapa(espetro)». O usuário pode criar as suas próprias tabelas de cores com a etiqueta «Perfusion» (ver Seção 2.23.4). As tabelas de usuário são adicionadas à lista pendente das tabelas de cores.

- O painel **«Faixa de valores»** é utilizado para definir os valores mínimos e máximos para o mapa.
  Se o marcador **«Seleção automática»** estiver definido, são mostradosos campos de inserção de porcentagem dos valores máximo e mínimo do mapa. A porcentagem máxima define a proporção de pixels para os quais o valor do parâmetro é menor que o valor máximo da gradação. Ao indicar o valor das porcentagens, é realizada a verificação dos valores inseridos. A gama dos valores inseridos para cada campo é de 1 a 100. O total de valores de porcentagem mínima e máxima deve ser maior que 100. Se for inserido um valor inaceitável, então após ŕessionar Enter, será estabelecido o valor anterior correto.
  Se o marcador **«Seleção automática»** estiver desativado, os campos de entrada mínima e máxima são exibidos. Os valores mínimo e máximo do mapa são mostrados no início e no final da escala da tabela de cores. Por padrão, o marcador **«Seleção automática»** é definido, e o valor para ambas as porcentagens é de 95%.

- **«Opacidade»**. Mova o selector para definir a opacidade do mapa.

No modo multimapa, as configurações **«Faixa de valores»** e **«Opacidade»** são dados separadamente para cada mapa de parâmetro selecionado incluído neste modo. O mapa é selecionado a partir do painel da aba (Fig. 2.38 «b»).

Quando o mapa é ativado, uma escala de cores é exibida no lado esquerdo da janela (Fig. 2.39). Acima da escala é exibido um nome curto ou uma abreviatura do parâmetro, e entre parênteses estão as unidades do parâmetro para o qual o mapa está sendo construído.

Para esconder a escala, desmarque a caixa **«Mostrar gama de cores»** no painel **«Faixa de valores»**. O marcador é definido por padrão. No modo multimapa, a visibilidade da escala é definida separadamente para cada parâmetro.

Para alterar os limites do intervalo de valores utilizando a escala, mova o cursor para a borda superior ou inferior para que pareça , e mova o limite a partir do centro da escala para aumentar o alcance ou para o centro para o diminuir. O valor no limite é exibido enquanto está sendo deslocado. Quando o botão do mouse é solto, a escala é redimensionada para o seu tamanho original, a gama de valores é gravado. O marcador **«Seleção automática»** no painel **«Faixa de valores»** é removido, e nos campos de entrada são mostrados o valor mínimo e máximo da escala da tabela de cores.

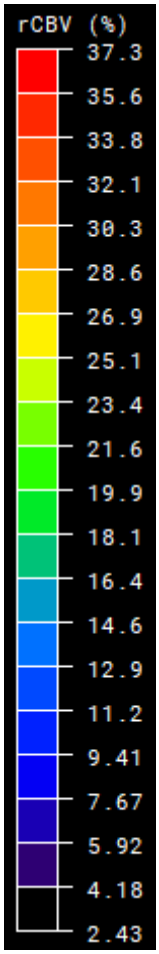


Figure 2.39: Escala de cores da tabela

2.20.5 Configurações avançadas do algoritmo de avaliação Bayesian

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Para séries com diferentes intervalos de tempo entre as fases, o cálculo dos parâmetros cerebrais pelo algoritmo «Estimativa Bayesiana» não está disponível.

Para usar a estimativa Bayesiana em séries com intervalo variável, defina um intervalo fixo entre as fases na janela **«Configurações de perfusão»** (Fig. 2.35).

Selecione o algoritmo clicando no botão **«Estimativa Bayesiana»** na aba **«Avançado»** no painel **«Perfusão de cérebro»** (Fig. 2.40).

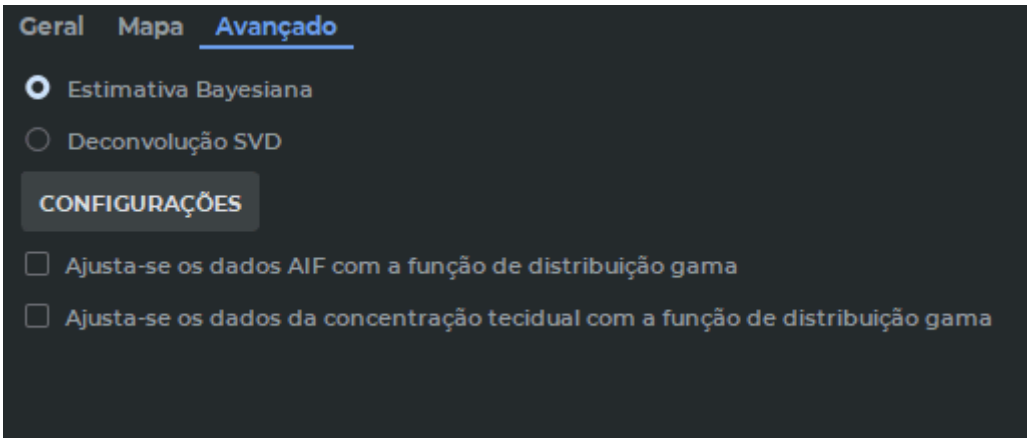


Figure 2.40: Algoritmo «Estimativa Bayesiana» selecionado na aba «Avançado»

Para definir os parâmetros do algoritmo, pressione o botão **«CONFIGURAÇÕES»**.

Na caixa de diálogo **«Estimativa Bayesiana»** (Fig. 2.41), são definidos os seguintes parâmetros:

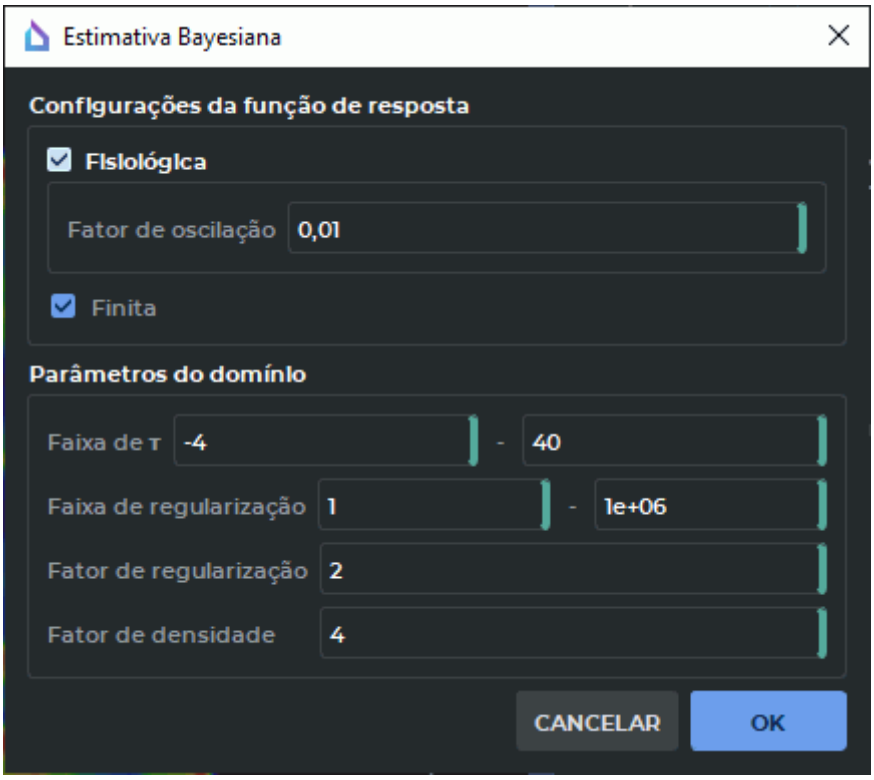


Figure 2.41: Caixa de diálogo da «Estimativa Bayesiana»

- bloco **«Configurações da função de resposta»**:

  – para ativar/desativar o ajuste da amplitude de oscilação do gráfico de funções, ative/desative o marcador **«Fisiológica»**. Por padrão, o regulador é desligado;

  – introduza o valor do fator de oscilação no campo **«Fator de oscilação»**. É permitida a inserção de qualquer valor real positivo. A configuração padrão é 0.01;
  O coeficiente de oscilação especifica a relação máxima admissível de amplitude de oscilação até o valor de pico do gráfico da função de resposta. As figuras 2.42 e 2.43 mostram exemplos de gráficos de funções de resposta do mesmo ROI, calculados para diferentes valores de coeficiente de oscilação.

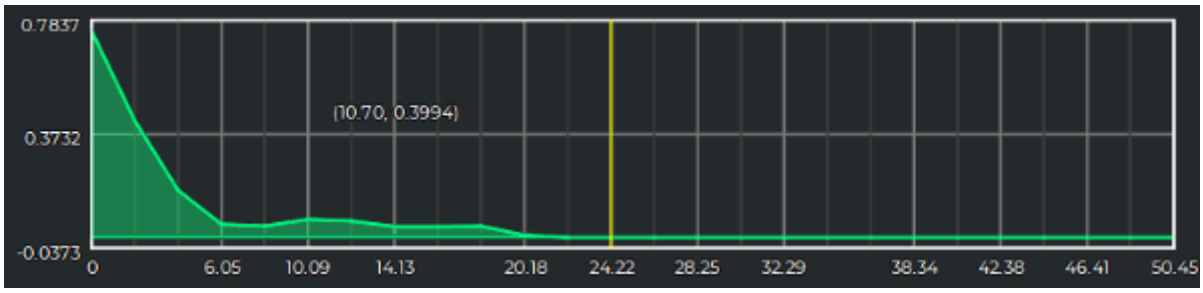


Figure 2.42: Fator de oscilação 0.3

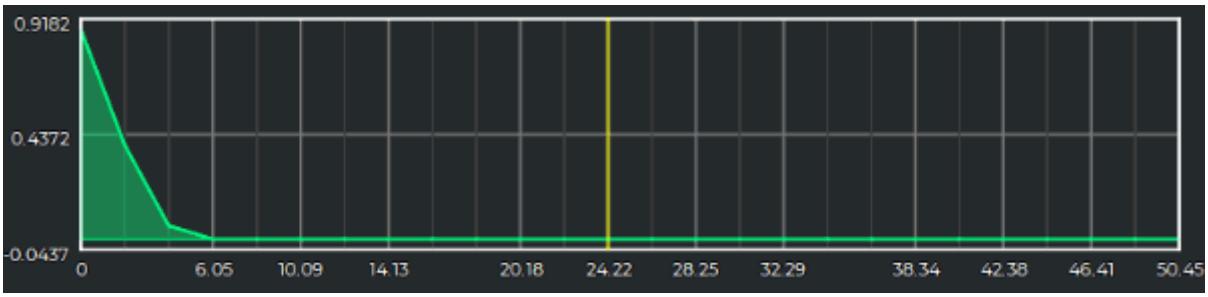


Figure 2.43: Fator de oscilação 0.01

- a opção **«Finita»** ativa/desativa a aplicação de transformações destinadas à criação de gráficos de função de resposta que vão a zero após o pico do valor do último intervalo de tempo. A configuração padrão é ligada. As figuras 2.44 e 2.45 mostram exemplos de gráficos de funções de resposta do mesmo ROI, calculados para os diferentes estados da opção **«Finita»**.

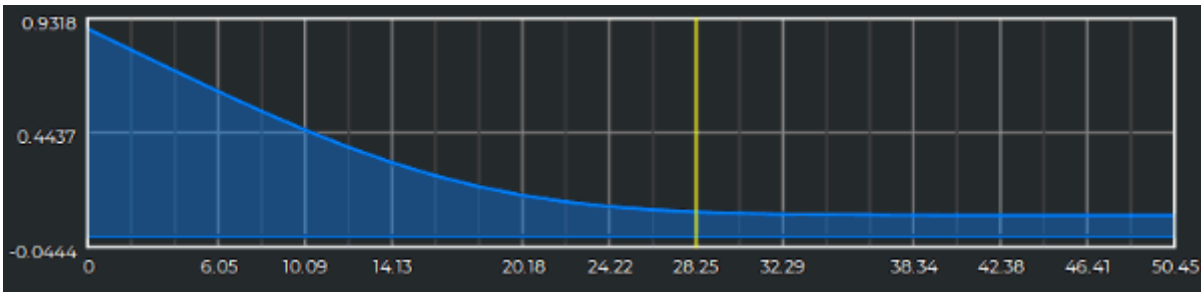


Figure 2.44: Opção «Finita» desativada

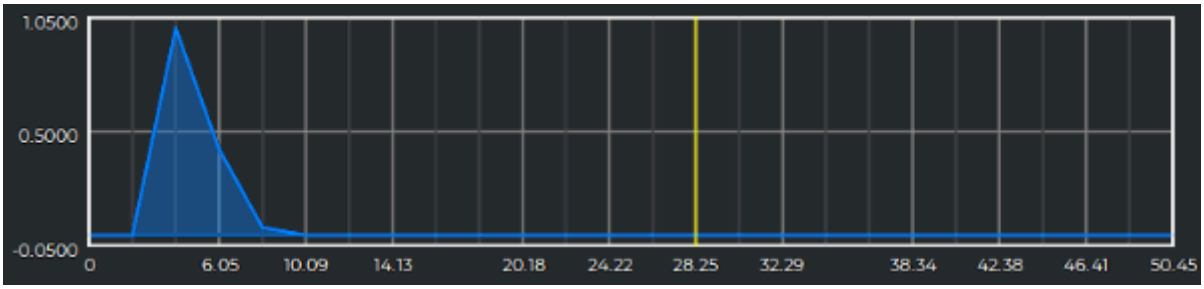


Figure 2.45: Opção «Finita» ativada

- no bloco **«Parâmetros do domínio»** são definidos:
  - os valores mínimo e máximo dos limites da **«Faixa de T»**. Os valores permitidos devem ser números reais. O valor do limite inferior da gama deve ser $\leq$ -4 e do limite superior $\geq$ 0. A configuração padrão é o intervalo de valores de -4 a 40;

– valores mínimos e máximos dos limites da **«Faixa de regularização»**. Os valores que podem ser introduzidos devem ser números reais. O valor mínimo deve ser $\geq$ 1. O valor máximo deve satisfazer a equação:

$$ln(\frac{\alpha_{max}}{\alpha_{min}})/(ln\alpha_0) > 10, \tag{2.1}$$

onde α_{max} é o valor máximo do intervalo de regularização;
α_{min} é o valor mínimo do intervalo de regulação;
α_0 é o fator de regularização.

A configuração padrão é de 1 a 1e6 (1000000);

– **«Fator de regularização»**. O valor a ser introduzido deve ser um valor real superior a 1 e satisfazer a equação 2.1.

A configuração padrão para o fator de regularização é 2;

– **«Fator de densidade»**. O valor permitido deve ser um número inteiro superior a 1. A configuração por padrão é 4.

Pressione **«OK»** para aplicar as configurações do algoritmo ou **«CANCELAR»** para cancelar.

Se uma das configurações na **«Estimativa Bayesiana»**, for alterada, são recalculados:

- os parâmetros dos tecidos ROI;

- mapas de parâmetros em uméricos rCBF, rCBV, MTT e Tmax (se definido para o modo de exibição de mapas que contêm um dos parâmetros indicados).

Para ativar a suavização da AIF, selecione o marcador da **«Ajusta-se os dados AIF com a função de distribuição gama»**. Quando a suavização da AIF é ligada, ela suaviza os gráficos ROI e AIF, assim como recalcula os parâmetros TTP, rCBV, rCBF, MTT, Tmax para os ROI e os mapas. Para AIFs modelados, a suavização não é aplicada, já que elas são calculadas desde o início pela função gama.

Para ativar a função de suavização dos gráficos de concentração, coloque o marcador **«Ajusta-se os dados da concentração tecidual com a função de distribuição gama»**. Quando se liga a opção, ocorre a suavização de todos os gráficos de concentração para o tecido ROI e são recalculados os parâmetros TTP, rCBV, rCBF, MTT, Tmax para ROI e mapas.

A inclusão de opções de suavização desses AIF e dos dados de concentração no tecido, na maioria dos casos não influencia no valor do parâmetro TTP.

2.20.6 Configurações avançadas da operação de desconvolução

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Para selecionar um algoritmo de desconvolução baseado na decomposição de valores singulares (SVD) e definir os seus parâmetros, clique na opção **«Deconvolução SVD»**. Na aba **«Avançado»** do painel de **«Perfusão de cérebro»**. O método de desconvolução SVD é configurado por padrão (Fig. 2.46).

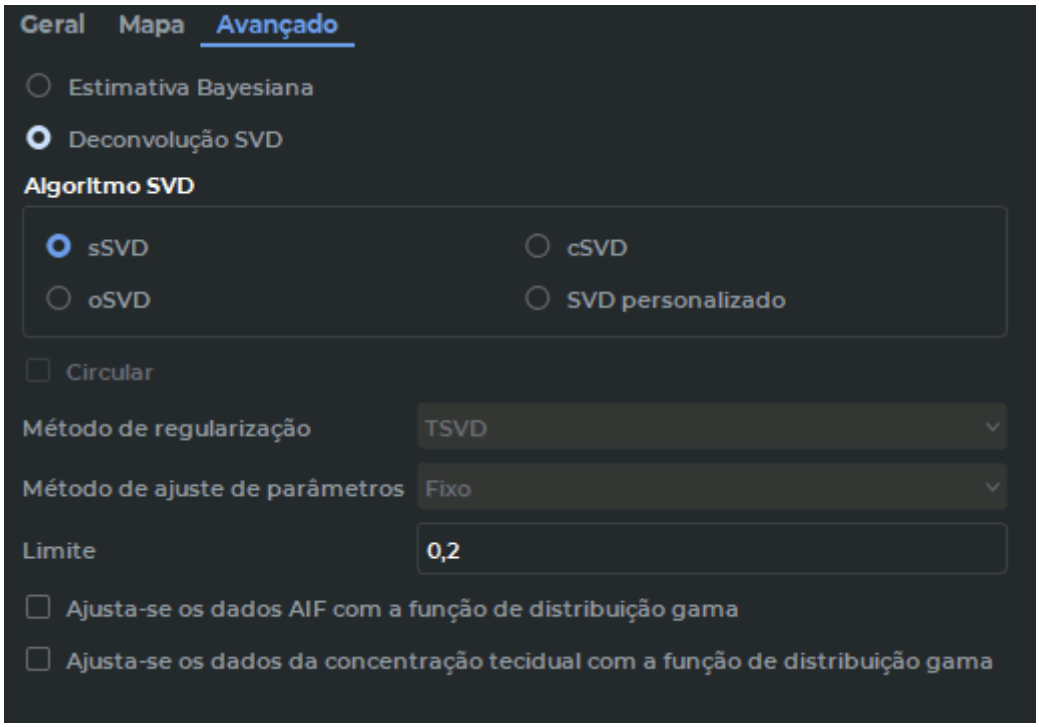


Figure 2.46: Aba de configurações avançadas no painel de perfusão

Para aplicar um dos algoritmos de desconvolução SVD e definir os seus parâmetros, clique no marcador apropriado:

- **«sSVD»**: algoritmo não circular, método de regularização — TSVD, método de regulação de parâmetros: estacionário. O limite é indicado como parâmetro numérico (o valor por padrão é 0,2);
- **«cSVD»**: algoritmo circular, método de regulação — TSVD, método de ajuste de parâmetros: estacionário. O limite é especificado como um parâmetro numérico (o valor por padrão é 0,2);

- **«oSVD»**: algoritmo circular, método de regulação — TSVD, método de regulação dos parâmetros: método de oscilação. O método de oscilação é indicado como um parâmetro numérico (o valor por padrão é 0,05);

- **«SVD personalizado»** permite definir combinações personalizadas de métodos de regulação, de métodos de ajuste dos parâmetros e dos seus valores.

Por padrão, é utilizado o algoritmo padrão **«sSVD»**.

O tipo circular de algoritmo ajustável é ativado através da definição do marcador **«Circular»**. O marcador é desligado por padrão.

A partir da lista pendente **«Método de regularização»**, é definido o método de regulação **«TSVD»** ou **«Regularização de Tikhonov»**. Na lista pendente **<Método de ajuste de parâmetros»**, é selecionado o método de regulação **«Fixo»** ou **«Método de oscilação»**. O valor do limite ou método de oscilação é definido em função do método selecionado para ajustar os parâmetros. Se não se souber qual o valor indicar, deixe o valor por padrão. Ao alterar os parâmetros de desconvolução, os parâmetros de perfusão (rCBV, rCBF, Tmax, MTT) são recalculados para o tecido ROI e mapas.

O funcionamento da função **«Ajusta-se os dados AIF com a função de distribuição gama»** e **«Ajusta-se os dados da concentração tecidual com a função de distribuição gama»** é apresentado na Seção 2.20.5.

Inclusão de opções de suavização de dados AIF e dados de concentração no tecido, na maioria dos casos, não influencia no valor do parâmetro TTP.

2.21 Avaliação dos parâmetros de fluxo sanguíneo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

A avaliação dos parâmetros de fluxo sanguíneo utilizando a ressonância magnética de contraste de fase permite:

- obter dados de velocidade e volume do fluxo sanguíneo com base nas imagens de contraste de fase;

- calcular a velocidade da onda de pulso (parâmetro PWV) com base em dados previamente obtidos.

Para avaliar os parâmetros de fluxo sanguíneo, deve-se analisar:

- A série multifásica de imagens de magnitude ou IRM **(MAG IRM)**;

- Série multifásica de imagens de contraste de fase ou de contraste de fase IRM **(CF IRM)**.

2.21.1 Abertura de série no modo de avaliação de parâmetros do fluxo sanguíneo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Para avaliar os parâmetros de fluxo sanguíneo, proceder da seguinte forma:

1. Abra uma série adequada de IRM magnético **(MAG IRM)** para análise e a série correspondente de IRM de contraste de fase **(CF IRM)** na janela de visualização imagens planas (Fig. 2.47). Assegure-se de que as imagens são classificadas por número e fase (ver Seção 2.1 para detalhes). Cada par de séries (**MAG IRM** e **CF IRM**) adequado para a análise do fluxo sanguíneo representa uma seção separada.

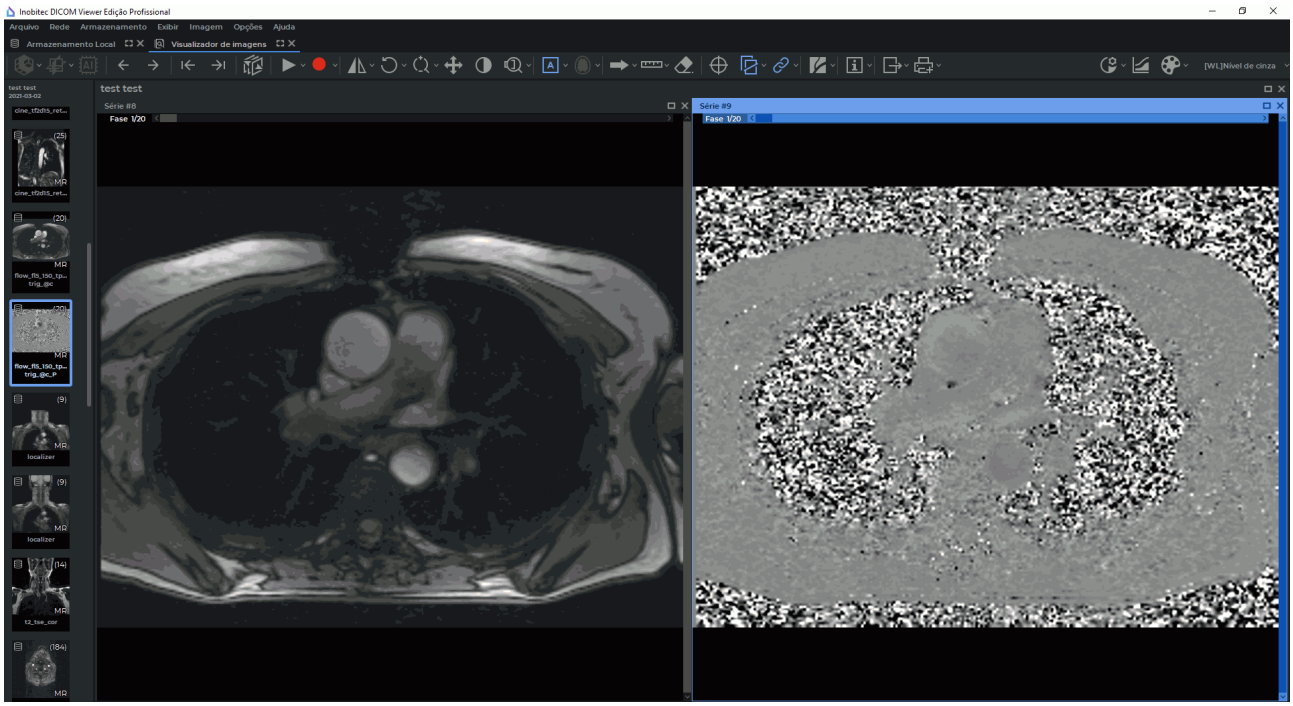


Figure 2.47: Na aba Visualização de imagens Planas, estão abertas as janelas abertas as séries MAG IRM e CF IRM

2. No menu principal **«Imagem»** selecione **«Análise de fluxo»**.

Figure 2.48: Diálogo «Dados de entrada para análise de fluxo»

3. Na caixa de diálogo **«Dados de entrada para análise de fluxo»** (Fig. 2.48) indique os seguintes parâmetros:

   - a lista **«Séries disponíveis»** é automaticamente preenchida com as séries abertas na janela da aba atual. A janela da aba atual é automaticamente buscada e definida por todos os critériosdo par MAG IRM e CF IRM da lista de séries disponíveis. Para cada série que forma uma das seções encontradas, é definido o tipo no formato *<tipo de série><número da seção>*, por exemplo **CF1** ou **MAG1**. O valor na coluna **«Tipo»** é destacado em vermelho se:
     - uma das séries de seções (MAG IRM ou CF IRM) não está definida;
     - nem todos os parâmetros de contraste de fase da seção estão definidos;
     - não for possível ler a sequência de fases a partir das marcadores de contraste de fase de série.

     A sequência de fases é uma sequência crescente de valores temporais definidos separadamente para cada seção separadamente. O valor da etiqueta *TriggerTime (0018, 1060)* da série de contraste de fase é dfinido como primeiro elemento. Se o valor na coluna **«Tipo»** aparecer com a cor vermelha, aparecerá uma janela pop-up sobre um erro quando o cursor do mouse for colocado sobre ela. Se um par compatível não for encontrado automaticamente, selecione a série manualmente.

Critérios para a compatibilidade da MAG IRM e CF IRM:

- mesmo número de fases (obrigatório);
- compatibilidade na posição e orientação dos cortes (obrigatório);
- a série deve ter a modalidade **«MR»** (recomendado);
- a série deve ser multifásica (obrigatória);
- a etiqueta *«Manufacturer»* deve conter o valor *«SIEMENS»* (recomendado);
- mesmo conteúdo da sequência das marcadores *«ReferencedImageSequence»* (recomendado);
- a etiqueta *«ImageType»* deve começar com uma expressão de string *«ORIGINAL\PRIMARY\P»* (para CF IRM) ou *«ORIGINAL\PRIMARY\M»* (para MAG IRM) (recomendado).

Na pesquisa automática de séries CF IRM e MAG IRM, devem ser levados em conta todos os critérios acima referidos, e na instalação manual, apenas os obrigatórios.

As séries disponíveis para instalação manual não pertencem a nenhuma seção (na coluna **«Tipo»**, valores nulos correspondem a essas séries). Para selecionar o par correspondente das séries, divida a série CF IRM e clique no botão **«CF»**, e em seguida a série MAG IRM que corrresponde a ela no botão **«MAG»**. Para cada seção, deve-se indicar o seu par de séries da CF IRM e MAG IRM. As séries selecionadas são verificadas para o cumprimento dos critérios de exigência.

Na coluna **«Tipo»**, para cada série que forme uma das seções encontradas, é estabelecido um tipo no formato *<tipo da série><número da seção>*, por exemplo, **CF1** ou **MAG1**. Se a série separada pertencer a uma seção já selecionada, os botões **«CF»** e **«MAG»** ficam indisponíveis.

Se a série selecionada não satisfizer aos critérios de seleção de CF IRM e MAG IRM, uma janela de diálogo é mostrada com uma mensagem sobre a impossibilidade de estabelecer a série selecionada como CF IRM ou MAG IRM.

Para apagar uma seção, selecione a série relacionada com a seção e pressione o botão **« — »**. Na coluna **«Tipo»**, das seções eliminadas, é definido um valor vazio. Se a seção selecionada for eliminada, é definido um valor em branco. Se a série selecionada não pertencer a nenhuma seção, o botão **« — »** não está disponível.

- Os **«Parâmetros do corte»** são utilizados para calcular os parâmetros gerais do fluxo sanguíneo e são estabelecidos automaticamente com base nos marcadores CF IRM:
  - **Intensidade mínima e máxima**;
  - **Codificação de velocidade mínima e máxima (cm/s)**;
  - **Frequência cardíaca (batimentos/min)**. o introduzir manualmente os parâmetros, o novo valor é estabelecido para todas as secções para as quais não for possível calcular as séries CF IRM dos marcadores;
  - **O número máximo de ROI detetados automaticamente** limita a quantidade máxima de vaso sanguíneoes ROI definidos por padrão para cada uma das seções ao abrir os painéis. Como o algoritmo para o reconhecimento automático dos contornos dos vaso sanguíneoes forma uma lista em ordem decrescente de precisão, o parâmetro permite excluir os ROIs extras da visualização. Por padrão, o valor do parâmetro **O número máximo de ROI detetados automaticamente** é igual a 2 (se uma seção for dada) ou 1 (se duas ou mais

seções forem dadas). Se o valor desse parâmetro não for dado, os parâmetros do fluxo sanguíneo serão calculados para todos os vaso sanguíneoes descobertos automaticamente.

Nem todos os parâmetros podem ser estabelecidos automaticamente, mas apenas os necessários. Nesse caso, os outros parâmetros da janela de diálogo devem ser estabelecidos manualmente.

4. Pressione **«OK»** para inserir os dados para análise do fluxo sanguíneo. Para cancelar a entrada dos dados, pressione **«CANCELAR»**.

   Se na caixa de diálogo **«Dados de entrada para análise de fluxo»** (Fig. 2.48) forem dados nem todos os parâmetros, o botão **«OK»** fica inativo.

Na janela da série MAG IRM são formados os vaso sanguíneoes ROI que são duplicados na janela da série CF IRM. No lado direito da aba abre o painel de análise do fluxo sanguíneo, no qual são apresentados os resultados na forma de gráficos de tabelas para todos as vaso sanguíneos descobertas (Fig. 2.49).

Quando uma das janelas (MAG IRM ou CF IRM) está fechada, o painel de análise do fluxo sanguíneo é desativado, todas as vaso sanguíneos e resultados dos cálculos são apagados.

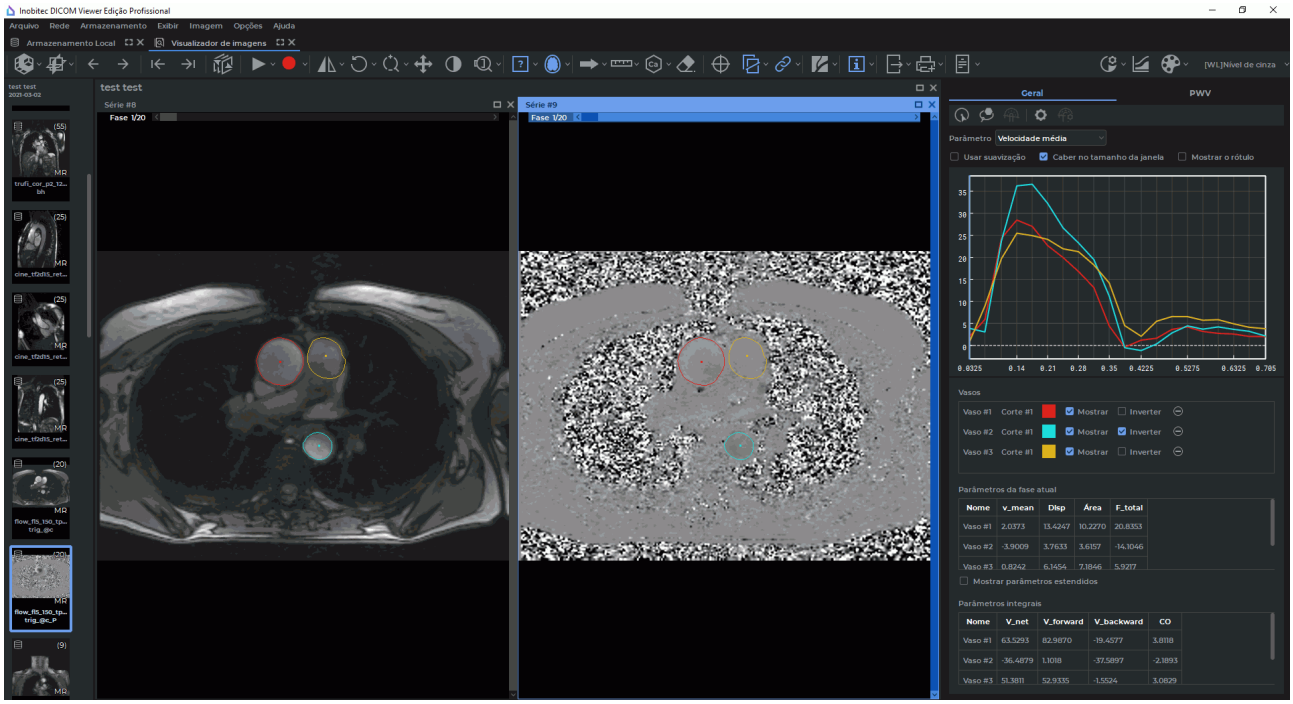


Figure 2.49: Modo de avaliação dos parâmetros de fluxo sanguíneo

Na aba **«Geral»**, são avaliados os resultados do hemograma geral para cada vaso sanguíneo encontrada. Na aba **«PWV»** é realizada a análise dos parâmetros de fluxo sanguíneo, que inclui o cálculo de parâmetros adicionais tais como velocidade de onda de pulso (PWV) e tempo de trânsito de pulso (PTT).

2.21.2 Alteração dos parâmetros de configuração da série CF IRM

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Para alterar os parâmetros de configuração da série CF IRM durante o funcionamento, clique em **«Parâmetros de CF IRM»** no painel de análise do fluxo sanguíneo. Na janela de diálogo **«Parâmetros de CF IRM»** (Fig. 2.50) são mostrados os valores atuais dos parâmetros.

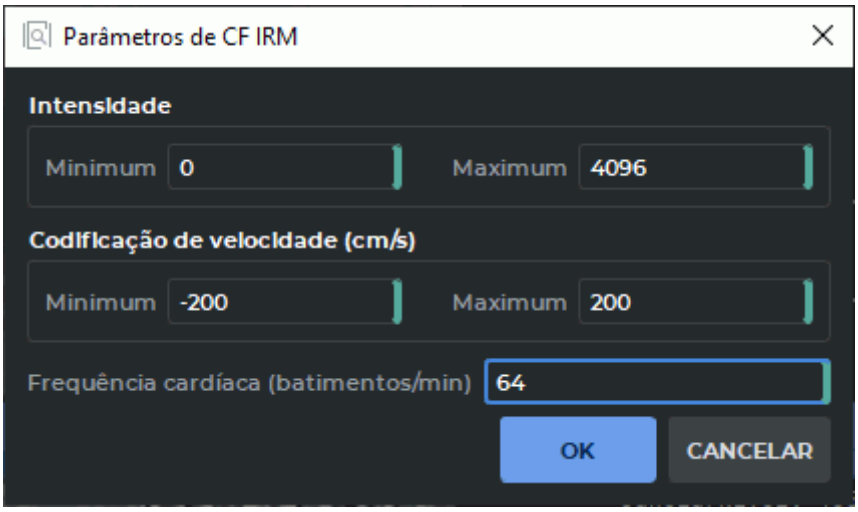


Figure 2.50: Diálogo para alterar os parâmetros CF IRM

Altere os valores dos parâmetros. Se na caixa de diálogo **«Parâmetros de CF IRM»** nem todos os parâmetros estiverem definidos, o botão **«OK»** fica inativo.

Para recalcular os parâmetros de fluxo sanguíneo para todas as vaso sanguíneos, pressione **«OK»**, e para cancelar a introdução de dados, pressione **«CANCELAR»**.

2.21.3 Construção e edição de vaso sanguíneos ROI

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Para avaliar os parâmetros gerais da análise do fluxo sanguíneo para todas as vaso sanguíneos descobertas, vá para a aba **«Geral»**.

Para adicionar as vaso sanguíneos ROI que não apareceram na lista por padrão na visualização, realize as seguintes ações:

1. Ative a ferramenta **«Detetar ROI de vaso pelo ponto»** no painel de avaliação de parâmetros de fluxo sanguíneo com o botão esquerdo, direito ou médio do mouse. Para trabalhar mais com a ferramenta, utilize o botão que foi usado para ativá-la. Para mais informações sobre o controle das ferramentas, ver Seção 1.14.

Atenção! A ferramenta só funciona na janela de imagens de magnitude (MAG IRM), selecionadas na caixa de diálogo «Dados de entrada para análise de fluxo» (Fig. 2.48). Se a janela de outra série for selecionada, é mostrada uma mensagem que informa sobre a indisponibilidade da ferramente para trabalho na janela selecionada.

2. Clique no ponto da imagem de grandeza (MAG IRM) onde se pressupões que esteja a vaso sanguíneo. O ROI do vaso sanguíneo encontrado criado para todas as fases com cálculo da posição e tamanhos da seção do vaso sanguíneo em cada fase. Um nooa vaso sanguíneo é adicionado à lista no painel de avaliação dos parâmetros do fluxo sanguíneo, e os seus parâmetros calculados são mostrados como gráficos e tabelas. Se no ponto indicado não for possível encontrar um vaso sanguíneo ROI, uma janela é mostrada com uma mensagem sobre a ausência do vaso sanguíneo ROI no ponto selecionado.

A ferramenta **«Detetar ROI de vaso pelo ponto»** pode ser utilizada para recuperar as vaso sanguíneos apagadas anteriormente.

Para construir ou editar manualmente um vaso sanguíneo ROI utilizando linhas de contorno, realize os seguintes passos:

1. Ative a ferramenta **«ROI do vaso (contorno)»** no painel de avaliação dos parâmetros do fluxo sanguíneo com o botão esquerdo, direito ou médio do mouse. Para trabalhar posteriormente com a ferramenta, utilize o botão com o qual foi ativada a ferramenta. Ver Seção 1.14 para mais informações sobre gestão de ferramentas.

2. Desenhe o contorno pressionando e segurando o botão do mouse. Para completar e fechar o contorno, solte o botão do mouse. Um novo vaso sanguíneo é adicionado à lista no painel de avaliação de parâmetros de fluxo sanguíneo, e os parâmetros calculados para ele são mostrados como gráficos e tabelas.

A ferramenta **«ROI do vaso (contorno)»** permite editar os vasos ROI descobertos automaticamente.

Na aba **«PWV»**, a ferramenta **«ROI do vaso (contorno)»** só está disponível para edição de vasos sanguíneos ROI.

Edite o ROI para cada fase individual. Estão disponíveis os seguintes tipos de edições:

- **alterar a forma do ROI**. Para alterar a forma do ROI, mova o cursor do mouse sobre o contorno do ROI a ser editado. Quando mover o cursor, a linha de contorno ROI a ser editado é realçada. Clique com o mouse onde pretende editar o contorno, e, segurando o botão do mouse pressionado, desenha o novo caminho do contorno. Para concluir a edição do contorno, solte o botão do mouse. Todos os parâmetros do fluxo sanguíneo para o vaso correspondente são recalculados. Para cancelar a construção ou editar o contorno atual, pressione **Esc** no teclado, sem soltar o botão do mouse;

- **movimentação do ROI**. Para mover o ROI, passe o mouse por cima do contorno, a ser movido. Mova o mouse com o botão pressionado enquanto mantém pressionada a tecla **Shift** no teclado.

2.21.4 Painel de análise do fluxo sanguíneo. Exibição dos resultados da análise geral do fluxo sanguíneo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Na aba **«Geral»**, são avaliados os parâmetros da análise geral do fluxo sanguíneo para cada vaso encontrado. Os resultados da análise geral do fluxo sanguíneo são exibidos como gráficos e tabelas.

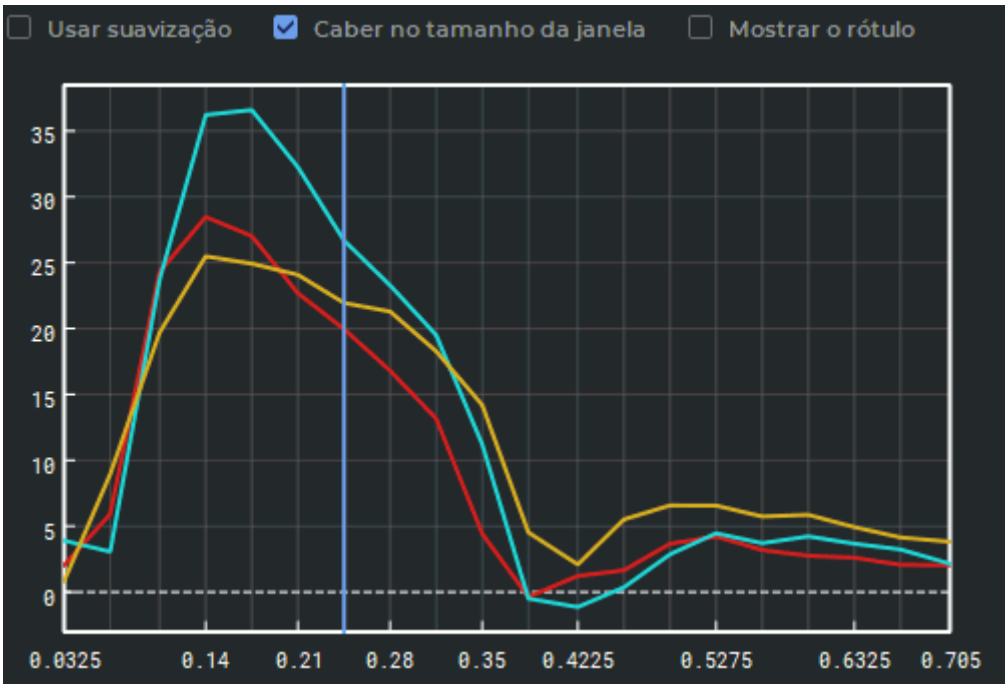


Figure 2.51: Gráficos do parâmetro «Velocidade média» para os vasos encontrados

O plano de coordenadas (Fig. 2.51) mostra os dados gráficos correspondentes ao parâmetro selecionado na lista pendente:

- **Velocidade média**;
- **Dispersão de velocidade**;
- **Área**;

- **Fluxo total**.

O eixo das abcissas mostra o valor temporal, o eixo das ordenadas o parâmetro selecionado a partir de uma lista pendente. O intervalo de valores do eixo temporal é formado pela junção sequencial das fases de todas as seções. A sequência resultante não contém os mesmos elementos e é classificada por ordem ascendente. A posição da fase atual é mostrada como um botão deslizante de cor azul. Na janela da série, é selecionada como atual a fase que corresponde ao valor mais próximo de tempo ao valor selecionado no slider no gráfico. Para alterar a fase atual no gráfico, leve o cursor ao slider para que ele assume a forma ↔ , e, mantendo pressionado o botão esquerdo, mova o cursos para esquerda e para a direita. Ao mover o slider no gráfico em sincronia, são alteradas as fases atuais em todas as janelas das séries que representam diferentes seções. Ao alterar a fase atual, são alterador os resultados na tabela **«Parâmetros da fase atual»** (Fig. 2.53).

Para mover o gráfico sobre o eixo vertical, mova para cima e para baixo o mouse com o botão esquerdo enquanto mantém pressionada a tecla **Shift** no teclado. Para alterar a escala do gráfico, mova para cima e para baixo o mouse com o botão esquerdo pressionado, mantendo a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) no teclado.

Para ativar a suavização dos dados do gráfico com a interpolação de spline cúbico, marque a caixa **«Usar suavização»**. Por padrão, a opção é desativada. O marcador **«Caber no tamanho da janela»** adapta o tamanho do gráfico aos tamanhos da janela. É habilitado por padrão. O marcador **«Mostrar o rótulo»** habilita a visualização da coordenada no ponto onde se encontra o cursor. A opção é desativada por padrão

A tabela **«Vasos»** (Fig. 2.52) é utilizada para configurar a visualização do ROI e dos gráficos dos vasos. A tabela mostra o número da seção a que o vaso sanguíneo pertence. Quando o mouse é passado por cima de uma célula com o número de seções, um pop-up é mostrado com uma breve informação sobre a seção.

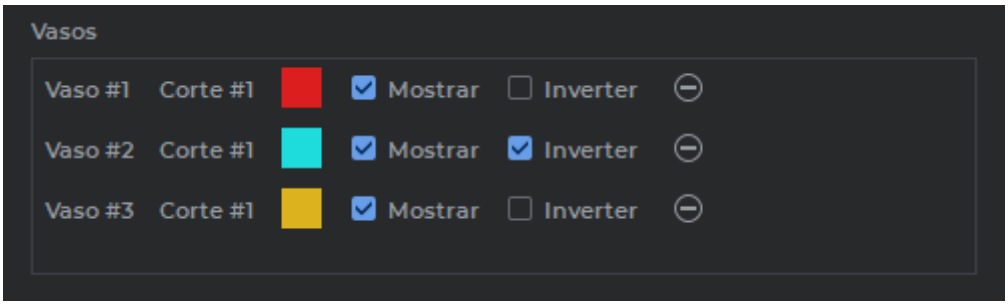


Figure 2.52: Tabela de Vasos no painel de análise do fluxo sanguíneo

As seguintes ações estão disponíveis com as configurações de visualização do ROI e gráficos de vasos:

- **renomear**. Clique duas vezes com o botão esquerdo no nome do vaso, introduza um novo nome e clique no botão **Enter** no teclado. O novo nome do vaso é mostrado nas células correspondentes das tabelas com os parâmetros do fluxo sanguíneo;

- **mudança de cor**. Clique no ícone de cor ao lado do nome do vaso, e selecione a cor desejadana caixa de diálogo de seleção de cor. A cor selecionada é utilizada para o ícone da cor, contornos ROI para todas as fases e gráficos do vaso selecionado;

- **mudança de visibilidade**. Para esconder/mostrar contornos ROI para todas as fases e gráficos deste vaso, retire/marque o marcador **«Mostrar»**;

- **inverter o gráfico**. Para inverter (mudar o sinal para o oposto) valores do gráfico, clicar no marcador **«Inverter»**. Por padrão o marcador é habilitado apenas para vasos sanguíneos com valor negativo de fluxo sanguíneo. São invertidos os valores dos gráficos para os parâmetros **«Velocidade média»** e **«Fluxo sanguíneo cerebral»**;

- **remoção**. Para isso, pressionar o botão para o vaso selecionado. Todos os dados sobre o vaso são apagados: o ROI para todas as fases, gráficos e resultados de cálculos das tabelas de parâmetros de fluxo sanguíneo.

O vaso removido pode ser recuperado utilizando a ferramenta **«Detetar ROI de vaso pelo ponto»** (ver Seção 2.21.3).

A tabela **«Parâmetros da fase atual»** (Fig. 2.53) mostra os seguintes parâmetros básicos do fluxo sanguíneo:

- **Velocidade média (v_mean)**;

- **Dispersão de velocidade (Disp)**;

- **Área**;

- **Fluxo total (F_total)**.

Parâmetros da fase atual

Nome	v_mean	Disp	Área	F_total
Vaso #1	19.9623	206.6430	9.6552	192.7412
Vaso #2	-26.6893	17.6228	4.6238	-123.4066
Vaso #3	21.9448	164.0166	5.6370	123.7031

☐ Mostrar parâmetros estendidos

Figure 2.53: Tabela de parâmetros da fase atual no painel de análise de fluxo sanguíneo

O marcador **«Mostrar parâmetros estendidos»** ativa a exibição na tabela dos seguintes parâmetros adicionais:

- **Velocidade mínima (v_min)**;

- **Velocidade máxima (v_max)**;

- **Fluxo positivo (F_positive)**;

- **Fluxo negativo (F_negative)**.

Os parâmetros na tabela **«Parâmetros da fase atual»** dependem do tempo e são alterados ao se modificar a fase atual.

A tabela **«Parâmetros integrais»** (Fig. 2.54) mostra os valores dos seguintes parâmetros:

- **Volume de fluxo sanguíneo (V_net)**;
- **Volume de fluxo positivo (V_forward)**;
- **Volume de fluxo negativo (V_backward)**;
- **Eficiência cardíaca (CO)**.

Estes parâmetros são independentes do tempo e não se alteram quando a fase atual é modificada.

Parâmetros integrais

Nome	V_net	V_forward	V_backward	CO
Vaso #1	63.5293	82.9870	-19.4577	3.8118
Vaso #2	-36.4879	1.1018	-37.5897	-2.1893
Vaso #3	51.3811	52.9335	-1.5524	3.0829

Figure 2.54: Tabela «Parâmetros integrais» no painel de análise de fluxo sanguíneo

2.21.5 Cálculo dos parâmetros gerais do fluxo sanguíneo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Na análise geral do fluxo sanguíneo, para todos os vasos descobertos são calulados o sseguintes parâmetros:

- **fase**:
  - **Velocidade média** (representado por v_{mean}, medida em cm/s). É calculado como a média das velocidades calculadas em cada ponto do ROI. A velocidade no ponto ROI é determinada pela fórmula:

$$V_k = VENC_{min} + \frac{(I_k - I_{min})}{(I_{max} - I_{min})} * (VENC_{max} - VENC_{min}), \tag{2.2}$$

onde V_k é a velocidade no *k*-ésimo ponto ROI;
I_k é o valor de intensidade no *k*-ésimo ponto ROI;

I_{min} é a intensidade mínima de toda a série;
I_{max} é a intensidade máxima de toda a série;
$VENC_{min}$ — valor de codificação de velocidade mínima;
$VENC_{max}$ — valor de codificação de velocidade máxima;

- **Dispersão de velocidade** (representado por: $Disp$). É calculada como a variação dos valores da velocidade em cada ponto ROI;
- **Área** (representado por: $Area$, medida em cm^2). É calculada como a área do ROI;
- **Fluxo total** (representado por: F_{total}, medido em ml/s). Calculado de acordo com a fórmula:

$$F_{total} = v_{mean} * Area \tag{2.3}$$

- **Velocidade mínima** (representado por: v_{min}, medida em cm/s). Calculada o menor valor de velocidade em todos os pontos ROI;
- **Velocidade máxima** (representado por: v_{max}, medida em cm/s). Calcularé definida como a velocidade máxima em todos os pontos do ROI;
- **Fluxo positivo** (representado por: $F_{positive}$, medida em ml/s). É calculado de acordo com a fórmula:

$$F_{positive} = v_{mean\ positive} * Area_{positive}, \tag{2.4}$$

onde $v_{mean\ positive}$ é a velocidade média em todos os pontos de ROI com valores de velocidade positivos;
$Area_{positive}$ — a área de todos os pontos com valores de velocidade positivos;

- **Fluxo negativo** (representado por: $F_{negative}$, medida em ml/s). É calculado de acordo com a fórmula:

$$F_{negative} = v_{mean\ negative} * Area_{negative}, \tag{2.5}$$

onde $v_{mean\ negative}$ é a velocidade média sobre todos os pontos com valores negativos de velocidade do ROI;
$Area_{negative}$ — área de todos os pontos com valores de velocidade negativos;

- **integrais**:
  - **Volume de fluxo sanguíneo** (representado por: V_{net}, medida em ml). Calculado pela fórmula:

$$V_{net} = \int_{t_0}^{t_n} F_{total} dt, \tag{2.6}$$

onde F_{total} é fluxo sanguíneo;
t_0 é o tempo da primeira fase;
t_n é o tempo da última fase;

– **Volume de fluxo positivo** (representado por:: $V_{forward}$, medida em ml). Calculado pela fórmula:

$$V_{forward} = \int_{t_0}^{t_n} F_{positive} dt, \tag{2.7}$$

onde $F_{positive}$ é fluxo positivo;
t_0 é o tempo da primeira fase;
t_n é o tempo da última fase;

– **Volume de fluxo negativo** (representado por: $V_{backward}$, medida em ml). Calculado pela fórmula:

$$V_{backward} = \int_{t_0}^{t_n} F_{negative} dt, \tag{2.8}$$

onde $F_{negative}$ é fluxo negativo;
t_0 é o tempo da primeira fase;
t_n é o tempo da última fase;

– **Eficiência cardíaca** (representado por: CO, medida em l/min). Calculado pela fórmula:

$$CO = V_{net} * HR, \tag{2.9}$$

onde V_{net} é o volume de fluxo sanguíneo;
HR — ritmo cardíaco.

2.21.6 Construção da trajetória da onda de pulso

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

A construção da trajetória da passagem da onda de pulso é necessária para o cálculo do parâmetro auxiliar **«Distância de percurso de onda de pulso»**, que é utilizado para calcular o parâmetro **«Velocidade de onda de pulso»**.

Atenção! Para traçar a trajetória da onda de pulso, é necessário que a avaliação contenha uma série feita em plano sagittal.

Se a análise não incluir uma série realizada no plano sagital, mas o valor da distância da passagem da onda de pulso for conhecida, ele pode ser inserido pelo usuário no diálogo de **«Configurações PWV»** (Fig. 2.55) manualmente. Para mais informações, ver Seção 2.21.7.

Para traçar a trajetória da onda de pulso, faça o seguinte:

1. Abra as séries **MAG IRM** e **CF IRM** no modo de estimativa de parâmetros de fluxo sanguíneo (ver Seção 2.21.1).

2. Abra a série de análise na projeção sagital. Para falicitar a construção da trajetória, é recomendado incluir a visualização das projeções das linhas de corte na janela selecionada (ver Seção 2.26).

3. Selecione a aba **«PWV»**. Quando a aba **«PWV»** for aberta pela primeira vez, é mostrada uma janela de diálogo de **«Configurações PWV»** (Fig. 2.55).

   Como vasos sanguíneos de entrada e de saída, podem ser selecionadas duas seções do mesmo vaso, dispostas tanto como no mesmo como em cortes diferentes. Como vaso de entrada, é selecionado o que possuir o tempo até o pico do gráfico do fluxo sanguíneo menor. Se o tempo até o pico do gráfico do fluxo sanguíneo for igual para os dois vasos, então como de entrada é selecionado o que estiver disposto na tabela «Vasos». A aba «PWV» está disponível se esse par de vasos for encontrado.

4. O diálogo **«Configurações PWV»** (Fig. 2.55) mostra uma lista de séries abertas na janela atual de análise com exceção das já selecionadas como CF IRM e MAG IRM. Selecione as séries de análise realizadas em plano sagital.

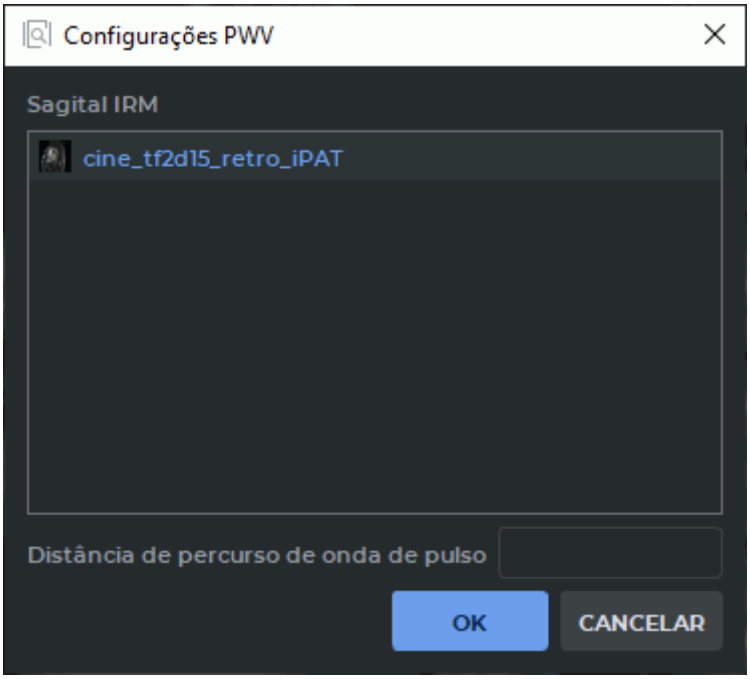


Figure 2.55: Diálogo «Configurações PWV»

   Para ir para a construção da trajetória de passagem da onda de pulso, clique em **«OK»**, para voltar para a aba da análise geral do fluxo sanguíneo, clique em **«CANCELAR»**.

   Se na lista **«Sagital IRM»** (Fig. 2.55) não for selecionada nenhuma série e nem inserido nenhum valor da distância da onda de pulso (mais informações ver Seção 2.21.7), então o botão **«OK»** é inativo.

5. Ative a ferramenta **«Percurso de onda de pulso»** no painel de avaliação dos parâmetros de fluxo sanguíneo com o botão esquerdo, direito ou central do mouse.

Para continuar trabalhando com a ferramenta, utilize o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Mais informações sobre a gestão de ferramentas, ver Seção 1.14.

Atenção! A ferramenta «Percurso de onda de pulso» só pode ser ativada se a configuração atual for a aba «PWV».

6. Construa uma trajetória pressionando e segurando o botão do mouse. Para completar a construção, solte o botão do mouse. A trajetória deve ligar duas seções diferentes do vaso (Fig. 2.56). A construção da trajetória da onda de pulso é suavizada para a eliminação de passos indesejados que aumentam o comprimento de forma torta.

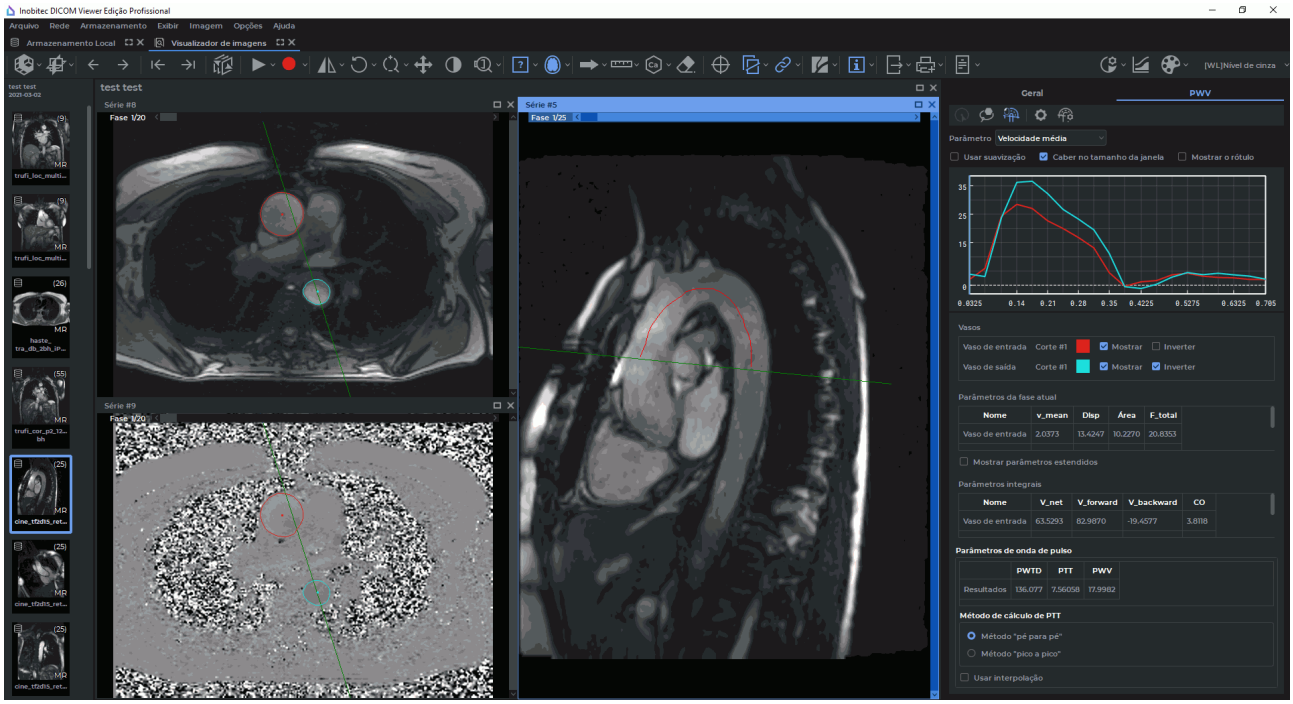


Figure 2.56: Construção da trajetória da onda de pulso

7. Para editar a trajetória, mova o cursor do mouse para a linha. Ao colocar o cursor do mouse, a linha da trajetória se destaca. Clique com o botão do mouse no local onde se deve editar a trajetória, e, segurando o botão do mouse, crie uma nova área para o lado de um dos finais da trajetória. Para concluir a edição da trajetória, solte o botão do mouse. Ao mesmo tempo são calculados os parâmetros PWTD e PWV. Para cancelar a construção ou editar a trajetória, clique na tecla **Esc** no teclado, sem soltar o botão do mouse.

É possível alterar o valor da Distância de Transmissão de Ondas de Pulso (PWTD) de três maneiras:

- editando a trajetória de passagem da onda de pulso;
- pressionando o botão **«Configurações PWV»** e introduzindo um novo valor no campo de diálogo. A trajetória da onda de pulso anteriormente construída é removida;

- alterando manualmente o valor na coluna **«PWTD»** da tabela **«Parâmetros de onda de pulso»**. A trajetória da onda de pulso anteriormente construída é removida.

Se após retornar à aba **«Geral»** or removido um dos vasos que faziam parte da análise ampliada, a construção da trajetória da onda de pulso e os valores dos parâmetros da onda de pulso («PWTD», «PTT» e «PWV») são apagados.

Se a janela da série com a projeção sagittal for fechada, a trajetória construída da onda de pulso é apagada, e os valores dos parâmetros «PWTD», «PTT» e «PWV» são salvos.

2.21.7 Captura dos resultados da análise ampliada do fluxo sanguíneo sem construção da trajeótria da onda de pulso

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Se na análise faltar a série com a projeção sagittal, mas a distância da passagem da onda de pulso for conhecida, então para a visualização dos resultados da análise ampliada do fluxo sanguíneo, o valor da distância da onda de pulso pode ser inserida pelo usuário manualmente.

Para receber os resultados da análise ampliada do fluxo sanguíneo sem a construção da trajetória da onda de pulso, realize as seguintes ações:

1. Abra as séries **MAG IRM** e **CF IRM** no modo de estimativa de parâmetros de fluxo sanguíneo (ver Seção 2.21.1 para mais detalhes).

2. Selecione a aba **«PWV»**. Ao abrir a aba **«PWV»** pela primeira vez, é mostrada uma janela de diálogo **«Configurações PWV»** (Fig. 2.57).

Os vasos de entrada e saída podem ser quaisquer duas seções transversais do mesmo vaso, posicionadas tanto sobre uma como sobre seções diferentes. O vaso de entrada escolhido é o que o tempo até o pico do gráfico menor, Se o tempo até o pico do gráfico do fluxo sanguíneo dos dois vasos for igual, então como vaso de entrada é selecionado o que estiver posicionado mais alto na tabela «Vasos». A aba «PWV» está disponível se esse par de vasos for encontrado.

3. Na caixa de diálogo **«Configurações PWV»** (Fig. 2.57), introduza o valor da distância da passagem da onda de pulso (em milímetros).

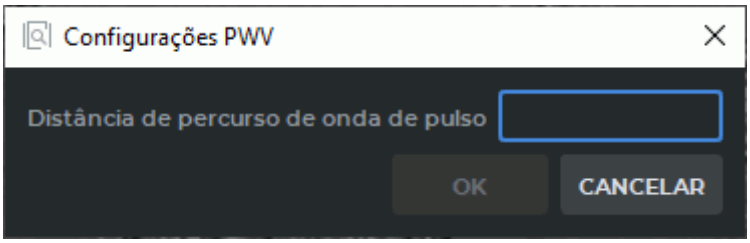


Figure 2.57: Caixa de diálogo para introduzir um valor de distância de passagem de ondas de pulso

Para obter os resultados da análise do fluxo sanguíneo ampliada, pressione **«OK»**. Para voltar à aba de análise geral do fluxo sanguíneo, pressione **«CANCELAR»**.

Se no diálogo (Fig. 2.57) não for introduzido nenhum valor de distância da passagem da onda de pulso, o botão **«OK»** é desativado.

É possível alterar o valor da distância da passagem da onda de pulso (PWTD) de duas formas:

- pressionando o botão **«Configurações PWV»** e introduzindo um novo valor no campo do diálogo;

- alterando manualmente o valor na coluna **«PWTD»** da tabela **«Parâmetros de onda de pulso»**.

2.21.8 Painel de análise do fluxo sanguíneo. Exibição dos resultados da Análise Avançada do Fluxo Sanguíneo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Os resultados da análise do fluxo sanguíneo avançada são apresentados em gráficos e tabelas.

As configurações dos parâmetros de visualização dos gráficos são definidas da mesma forma que para os gráficos no aba **«Geral»** (Seção 2.21.4).

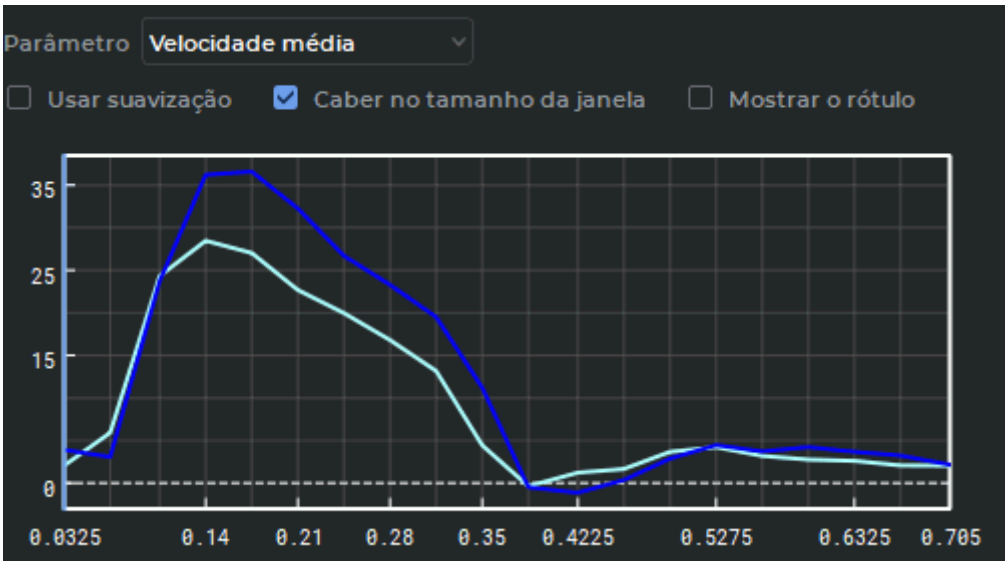


Figure 2.58: Gráficos dos parâmetros do fluxo sanguíneo para o par de vasos encontrado

A tabela **«Vasos»** (Fig. 2.59) é utilizada para as configurações da visualização do ROI e dos gráficos dos vasos.

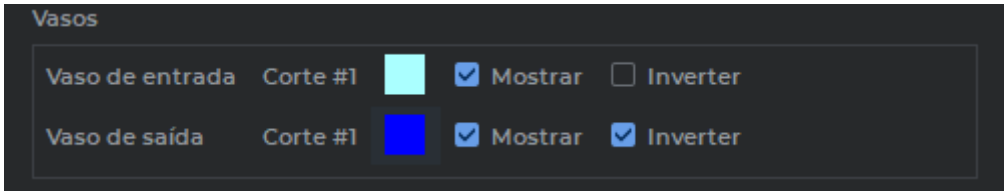


Figure 2.59: Tabela «Vasos»

A configuração dos parâmetros de visualização do ROI e dos gráficos dos vasos é descrita na Seção 2.21.4.

Na tabela **«Parâmetros da fase atual»**, são mostrados os parâmetros do fluxo sanguíneo. Uma tabela igual à tabela na aba **«Geral»** (Seção 2.21.4).

Na tabela **«Parâmetros integrais»** são mostrados os parâmetros integrais do fluxo sanguíneo. Igual à tabela na aba **«Geral»** (Seção 2.21.4).

Na tabela **«Parâmetros de onda de pulso»** (Fig. 2.60) são mostrados os resultados do cálculo dos seguintes parâmetros:

- **Distância de percurso de onda de pulso (PWTD)**. O parâmetro pode ser definido de 3 maneiras:
  - introduzido manualmente no campo da caixa de diálogo **«Configurações PWV»** (ver Seção 2.21.7);
  - introduzido manualmente na coluna **«PWTD»** da tabela **«Parâmetros de onda de pulso»**;

  - calculado traçando a trajetória da passagem da onda de pulso (ver Seção 2.21.6).

- **Tempo de trânsito de pulso (PTT)**;
- **Velocidade de onda de pulso (PWV)**.

Figure 2.60: Tabela «Parâmetros de onda de pulso»

Se o parâmetro **«PWTD»** não estiver definido, então a célula correspondente da tabela é mostrado «Sem dados». Os parâmetros **«PTT»** e **«PWV»** são calculados automaticamente. Se no cálculo de um dos parâmetros ocorrer um erro, então na célula correspondente é mostrado «Sem dados».

No bloco **«Método de cálculo de PTT»** é selecionado o método do cálculo do tempo de passagem do impulso:

- **Método «pé para pé»**. Definido por padrão;
- **Método «pico a pico»**.

O marcador **«Usar interpolação»** permite a interpolação por spline cúbica dos dados obtidos para o cálculo do **«PTT»**. Ao estabelecer/remover o marcados, são recalculados os parâmetros**«PPT»** e **«PWV»**.

2.21.9 Cálculo de parâmetros para análise do fluxo sanguíneo avançada

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Na análise ampliada do fluxo sanguíneo para pares de seções de vasos é calculado o parâmetro PWV com base em dois parâmetros auxiliares.

A análise ampliada dos parâmetros do fluxo sanguíneo é destinada ao cálculo dos parâmetros auxiliares, como:

- **Distância de percurso de onda de pulso** (indicada por: $PWTD$, medida em mm). Representa a distância entre as secções da vaso. A ótrajetria entre as seções pode ser construída com a ferramente **«Percurso de onda de pulso»**;

- **Tempo de trânsito de pulso** (indicada por: PTT, medida em ms). É calculado com base nos gráficos das seções do vaso por dois métodos:

  – **Método «pé para pé»**. Calculado utilizando a fórmula:

$$PTT = TTF_{OV} - TTF_{IV}, \tag{2.10}$$

  onde TTF_{OV} é o tempo até a base do gráfico do vaso de saída;
  TTF_{IV} — tempo até a base do gráfico do vaso de entrada;

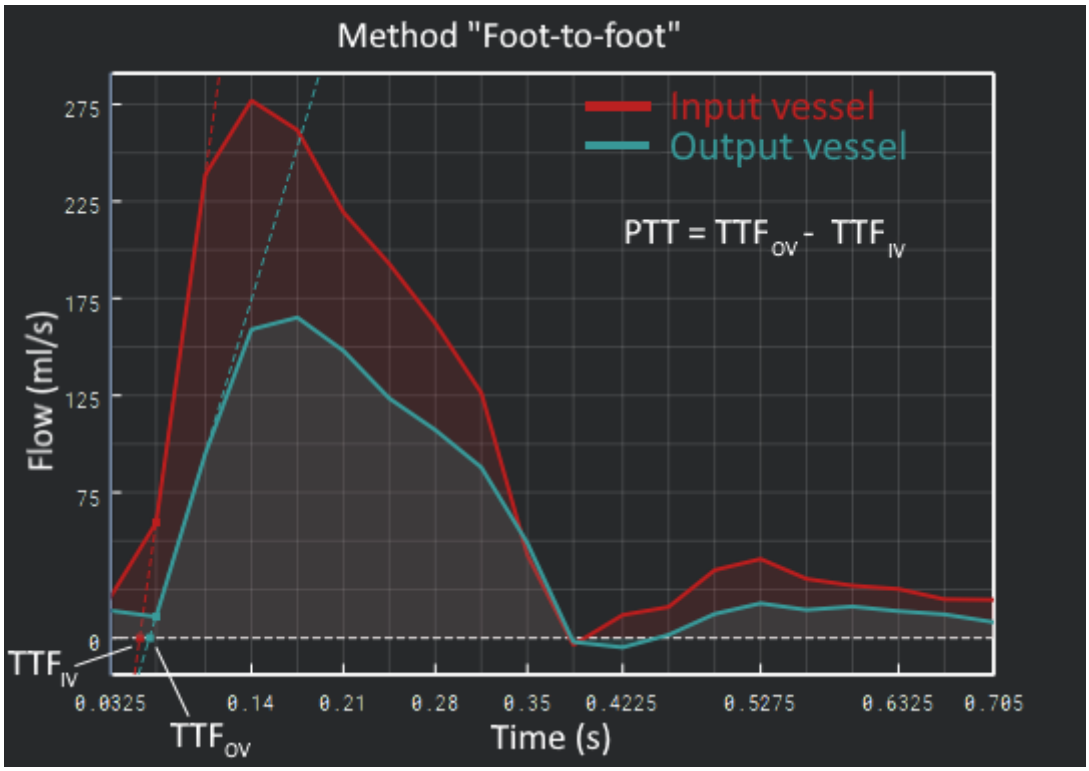


Figure 2.61: Interpretação gráfica do Método «pé para pé»

  – **Método «pico a pico»**. Calculado utilizando a fórmula:

$$PTT = TTP_{OV} - TTP_{IV}, \tag{2.11}$$

  onde TTP_{OV} é o tempo até o pico do gráfico do vaso de saída;
  TTP_{IV} — tempo até o pico do gráfico do vaso de entrada;

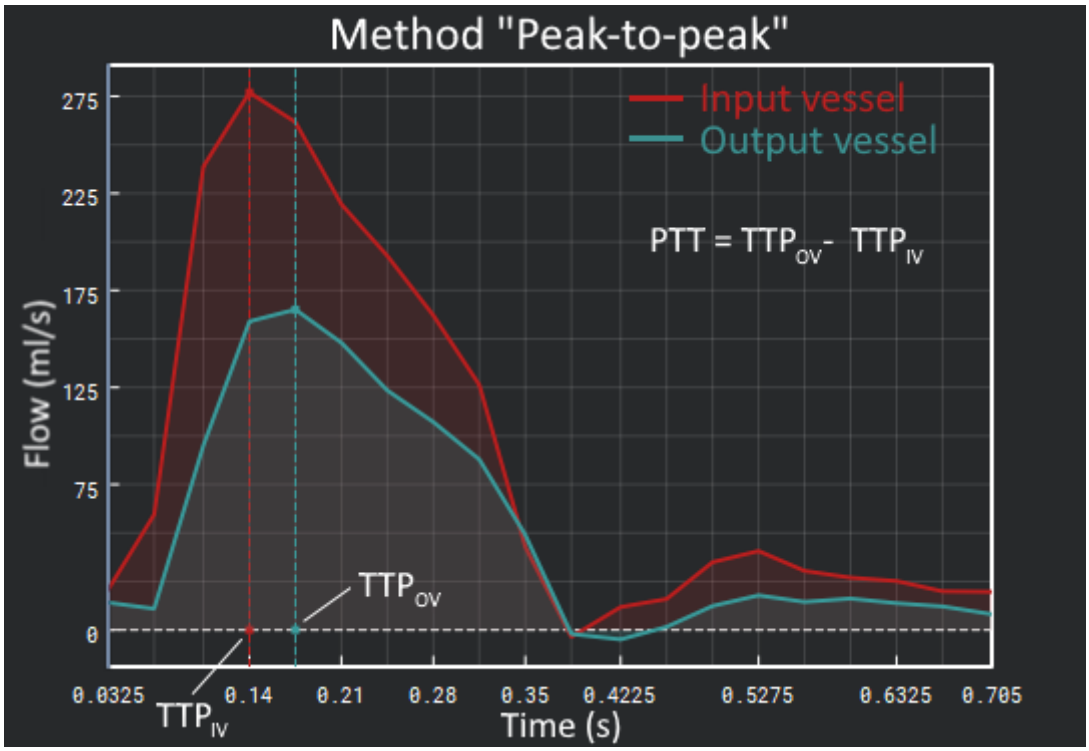


Figure 2.62: Interpretação gráfica do Método «pico a pico»

- **Velocidade de onda de pulso** (indicada por: PWV, medida em m/s), Calculado de acordo com a fórmula:

$$PWV = PWTD/PTT \tag{2.12}$$

2.21.10 Avaliação dos parâmetros de fluxo sanguíneo com base em duas seções

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Cada par de séries (**MAG IRM** e **CF IRM**) adequado para a análise do fluxo sanguíneo representa uma seção separada. O trabalho com duas ou mais seções, além de calcular o parâmetro **PWV**, também pode ser útil para a comparação dos parâmetros gerais do fluxo sanguíneo das seções dos vasos dispostas em diferentes seções.

Para realizar a avaliação dos parâmetros do fluxo sanguíneo com base em duas seções, realize as seguintes ações:

1. Abra vários pares de séries (MAG IRM e CF IRM). Cada par de séries representa uma seção única. Se necessário, indique os parâmetros que faltarem da seção (ver Seção 2.21.1).

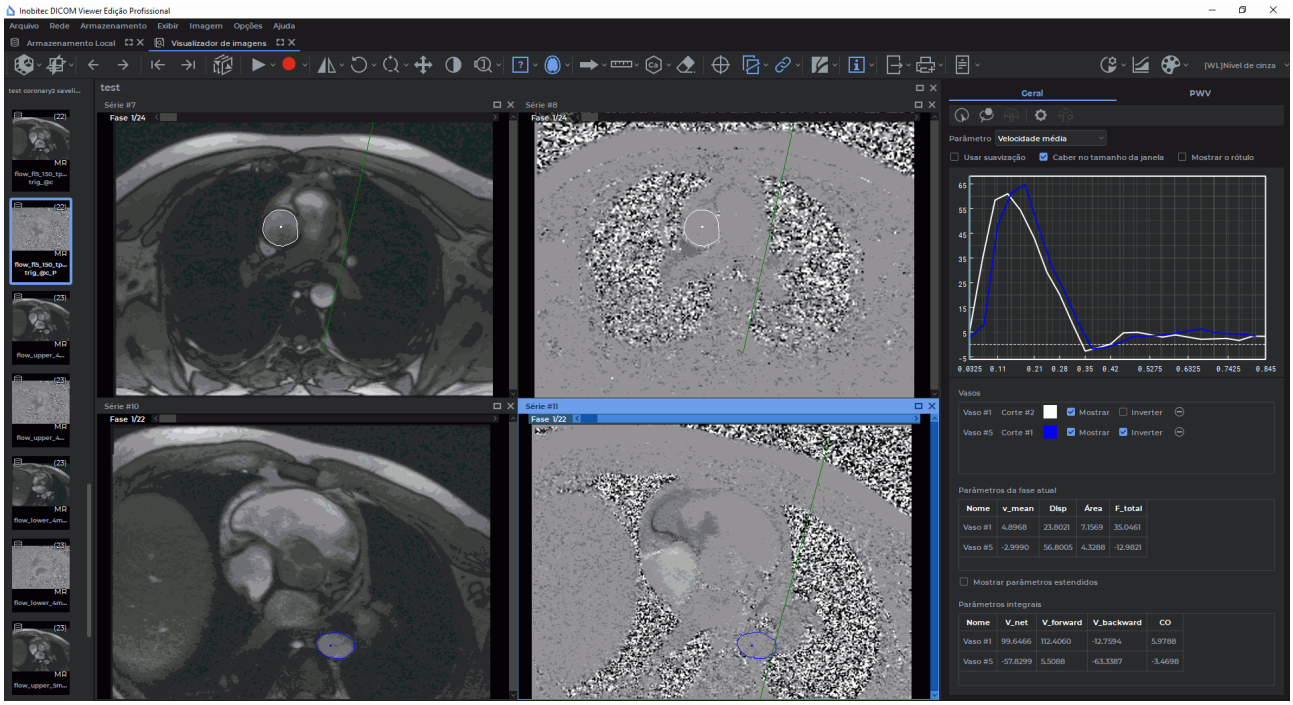


Figure 2.63: Modo de estimativa dos parâmetros de fluxo sanguíneo com base em duas seções

2. Para alterar os parâmetros de configuração da série CF IRM, pressione o botão ⚙ **«Parâmetros de CF IRM»** no painel de análise do fluxo sanguíneo. Na caixa de diálogo **«Parâmetros de CF IRM»** (Fig. 2.64) altere os valores atuais dos parâmetros para cada seção. Ver Seção 2.21.2 para mais detalhes.

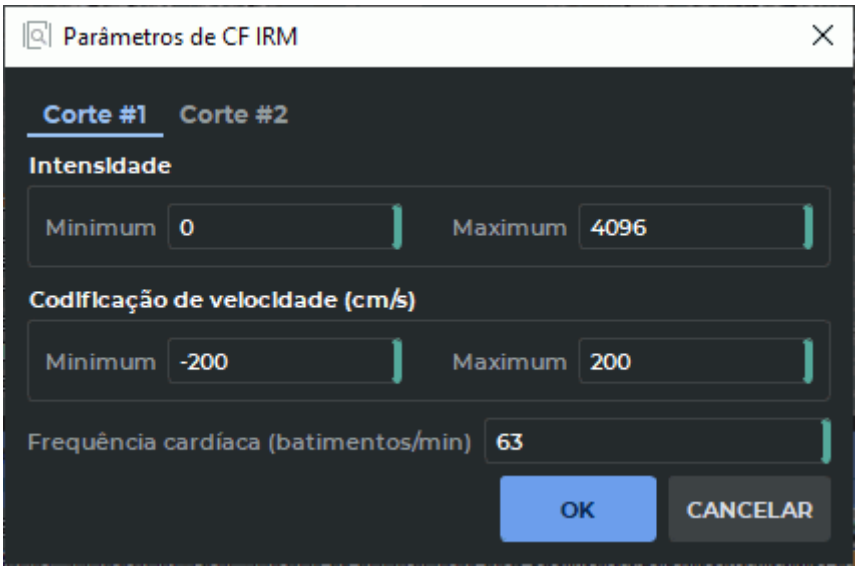


Figure 2.64: Diálogo para alterar os parâmetros da CF IRM de cada seção

3. Construa ou edite o ROI do vaso para cada seção (ver Seção 2.21.3).

   A aba **«Geral»** do painel de análise do fluxo sanguíneo mostra os resultados da análise geral do fluxo sanguíneo sob a forma de gráficos e tabelas (ver secções 2.21.4 e 2.21.5).

4. Para calcular o parâmetro **«PWV»**, trace a trajetória da passagem da onda de pulso entre as seções de interesse do vaso (Fig. 2.65). Ver Seção 2.21.6. Se não houver séries com projeção sagital na análise, mas a distância da passagem da onda de pulso for conhecida, insira o valor manualmente (ver Seção 2.21.7).

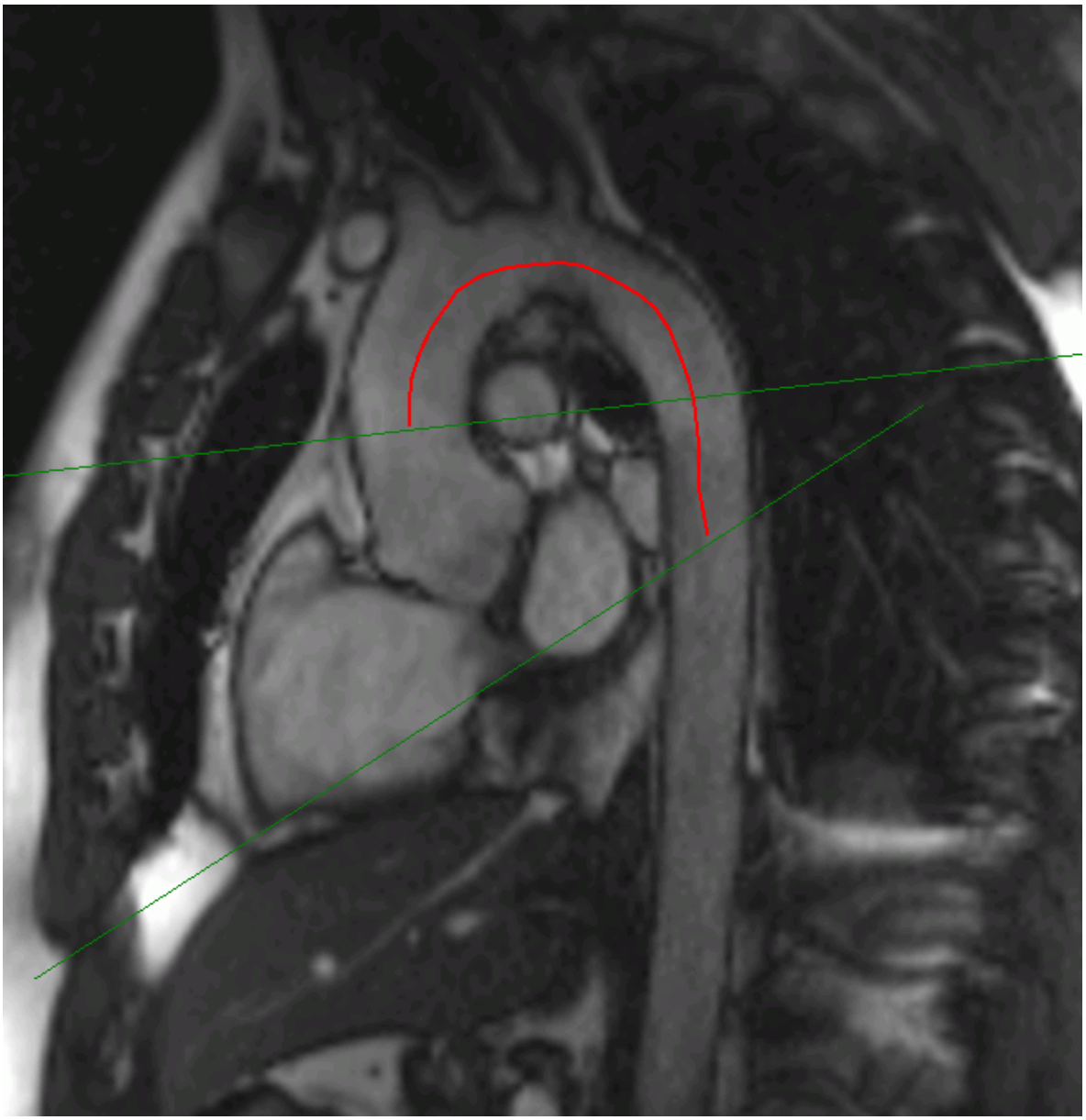


Figure 2.65: Trajetória da onda de pulso entre as seções

A aba **«PWV»** (Fig. 2.66) do painel de análise do fluxo sanguíneo mostra os resultados da análise avançada do fluxo sanguíneo sob a forma de gráficos e tabelas ver seções 2.21.8 e 2.21.9).

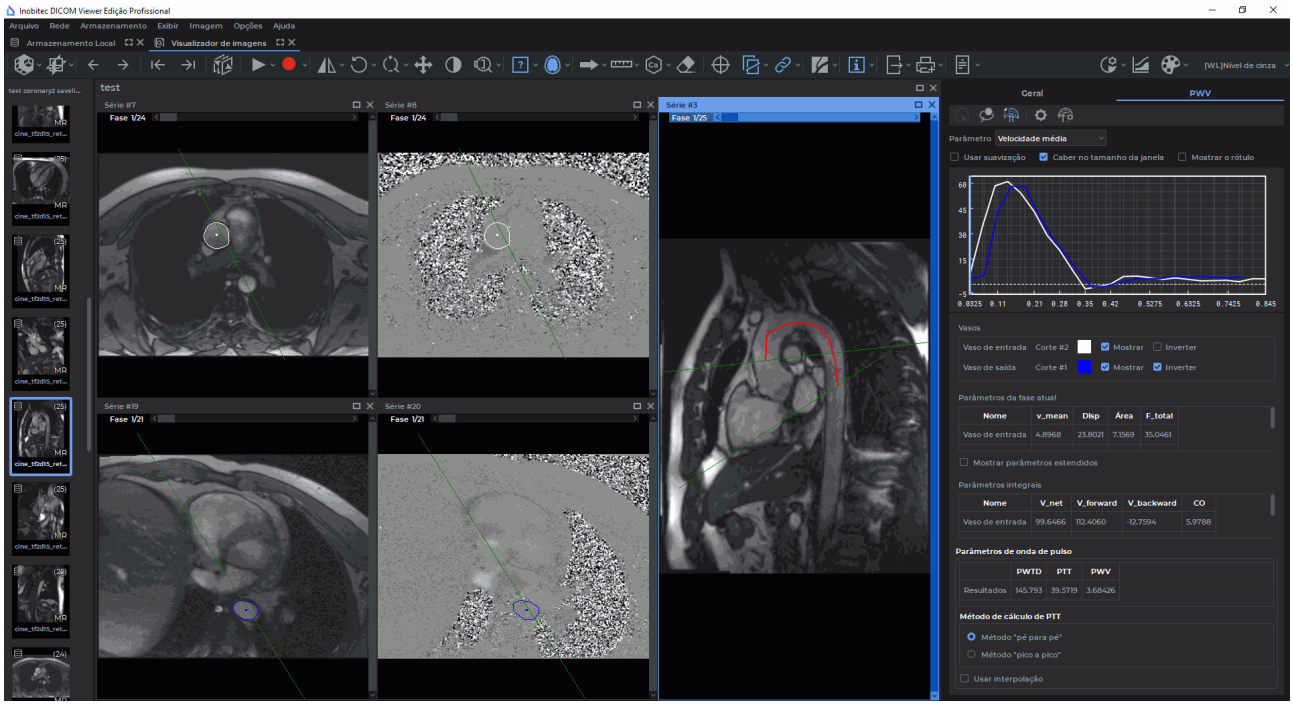


Figure 2.66: Resultados da avaliação da análise do fluxo sanguíneo avançada para duas seções

2.22 «Costura» de imagens

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Se um ou vários estudos contêm séries que são o resultado da digitalização de partes de uma área alargada, então as imagens separadas dessas séries podem ser combinadas numa única imagem no modo de costura de imagem. As imagens resultantes podem ser exportadas no estudo atual para uma nova série ou para um ficheiro (ver Secção 2.22.7), bem como impressas (consulte a Secção 2.22.8).

A secção «Costura de Imagens» está disponível para imagens que cumpram os seguintes requisitos:

- **a imagem é de tipo monocromático**. O valor permitido para a etiqueta *PhotometricInterpretation (0028, 0004)* é **«MONOCHROME1»** ou **«MONOCHROME2»**;

- **a imagem deve ter um pixel quadrado**. Rácio de aspeto do píxel: é determinada pelos valores das etiquetas *PixelSpacing (0028,0030)* ou *ImagerPixelSpacing (0018,1164)*. Se os tamanhos dos lados do pixel não forem especificados nas etiquetas, o pixel é considerado quadrado.

2.22.1 Abrir uma série no modo de costura de imagem

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para abrir séries no modo de costura de imagem, siga os passos abaixo:

1. Abra uma série adequada no separador ”Visualização plana” (consulte a Secção 2.1).

2. Abra a série cujas imagens deseja «costurar». Se pretender ”coser” imagens de séries de diferentes estudos, adicione as séries ao separador atual. Para isso, vá para o separador com a lista de estudos, selecione o estudo pretendido e arraste as séries desse estudo para a coluna vertebral do separador **«Visualizador de imagens»**. As séries do estudo selecionado são adicionadas ao painel de séries do separador atual.

3. Selecione a janela com a série cuja imagem será utilizada como base para a primeira imagem. Recomenda-se escolher a primeira imagem. A escolha deve recair sobre a que será visualmente colocada no meio da imagem ”cosida”, que terá o maior número de sobreposições com outras imagens. Navegue para a imagem apropriada da série selecionada (consulte a Secção 2.7).

4. No menu principal **«Imagem»** selecione **«Costura de imagens»** ou prima **Ctrl+Shift+X** (**Command+Shift+X** para o macOS).

Ativar «Costura de imagens» desliga os modos «Perfusão», «Análise de fluxo» e «Anotação de imagem» previamente activados.

Na parte direita do separador **«Visualizador de imagens»** é aberta a janela **«Costura»** e o painel de funções (Fig. 2.67). A imagem definida na janela selecionada é automaticamente adicionada à janela **«Costura»**. A primeira imagem das imagens visualizadas é adicionada à janela **«Costura»**.

É possível sair do modo de **«Costura de imagens»** de uma das seguintes formas:

- a partir do menu principal **«Imagem»**, selecionar novamente o item **«Costura de imagens»**;

- premir a combinação de teclas **Ctrl+Shift+X** (**Command+Shift+X** para o macOS);

- fechar a janela **«Costura»**.

Ao sair do modo de **«Costura de imagens»**, a janela **«Costura»** e o painel de funções de costura de imagem são fechados. A janela **«Costura»** e o painel de funções **«Costura de imagens»** são fechados sem guardar os resultados da costura.

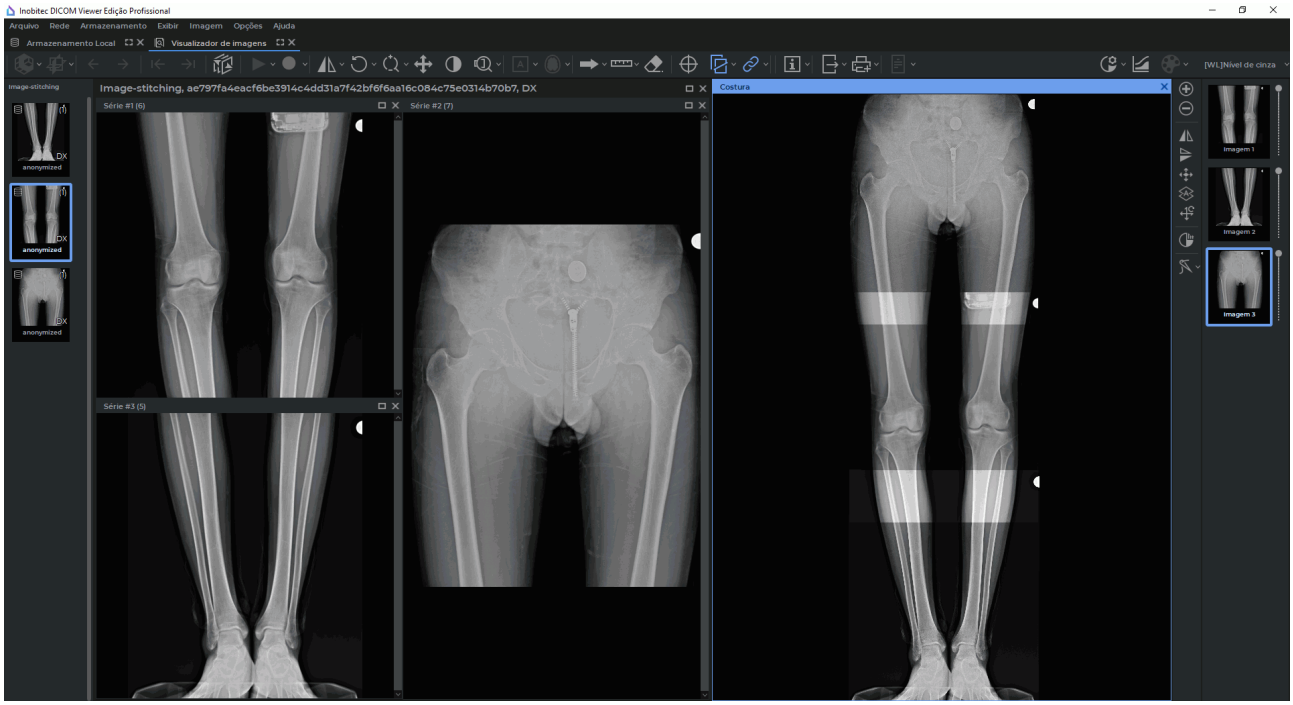


Figure 2.67: Modo de costura de imagem

2.22.2 Painel de funções para «coser» imagens

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O painel de funções **«Costura de imagens»** está localizado na parte direita do separador. O **«Visualizador de imagens»** (Fig. 2.67) é composto por:

- a janela **«Costura»**, que apresenta as imagens adicionadas para costura;
- uma barra de ferramentas vertical para trabalhar com as imagens na janela **«Costura»**;
- com a lista de imagens adicionadas para ”costura”. As imagens adicionadas à janela são apresentadas na lista como miniaturas. A sequência de adição de imagens à janela **«Costura»** é exibida como um número de sequência na miniatura. Cada miniatura tem um número. Para controlar a opacidade da imagem correspondente na **«Costura»**.

Ferramentas do painel de funções «Costura» de imagens:

⊕	O botão **«Adicionar imagem»** a imagem da janela da série selecionada é adicionada à janela **«Costura»** e à lista de imagens no painel «Costura».
⊖	O botão **«Eliminar imagens selecionadas»** remove as imagens selecionadas da janela **«Costura»** e da lista de imagens no Painel de «Costura».

	O botão **«Refletir horizontalmente»**. A ferramenta espelha horizontalmente as imagens selecionadas na lista do painel «Costura».
	O botão **«Refletir verticalmente»**. A ferramenta espelha verticalmente as imagens selecionadas na lista do painel «Costura».
	O botão **«Alinhe manualmente a imagem»** de fusão manual de imagens permite mover, ampliar e rodar imagens na janela **«Costura»** (ver Secção 2.22.4)
	O botão **«Repor todas as transformações»** reinicia todas as transformações das imagens selecionadas na janela **«Costura»**.
	O botão **«Repor escala»** reinicia a janela **«Costura»** para repor o zoom das imagens selecionadas.
	O botão **«Alinhe a imagem automaticamente»** funde automaticamente a imagem selecionada na janela **«Costura»** e combina automaticamente a imagem selecionada na lista do painel «Costura», com outras imagens (ver Secção 2.22.5).
	O botão **«Recalcular intensidades por W/L»** define um intervalo de intensidades para todas as imagens na janela **«Costura»**. Recomenda-se a utilização desta ferramenta quando "coser" imagens com diferentes intervalos de intensidade.
	O botão **«Modo de costura»** ativa a "costura" das imagens adicionadas à janela **«Costura»** (ver Secção 2.22.6).

A cada ferramenta do painel «costura», o utilizador pode atribuir uma «tecla de atalho» (ver Secção 16.8).

2.22.3 Adicionar imagens para costura

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para adicionar imagens à vista de Costura, proceder:

1. Abrir uma série adequada no separador de visualização de imagem plana, ativar o modo de **«Costura de imagens»** (ver Secção 2.22.1).

2. Selecione a janela com a série cuja imagem pretende fundir com a imagem de base imagem. Navegue até uma imagem adequada da série selecionada (consulte a Secção 2.7).

3. Adicione a imagem selecionada de uma das seguintes formas:

   - clique no botão **«Adicionar imagem»** no painel de «costura» da imagem;

- aponte o cursor sobre a imagem na janela da série selecionada e, mantendo o botão esquerdo do rato pressionado, arraste a imagem para a janela **«Costura»**.

O valor da etiqueta «PhotometricInterpretation» da imagem a acrescentar para ser integrada na janela «Costura» deve corresponder ao valor da etiqueta «PhotometricInterpretation» da primeira imagem.

Se os pixels da imagem forem quadrados, mas diferirem em tamanho, é apresentada uma mensagem informando o utilizador da discrepância de tamanho dos pixels. Nesse momento as imagens são adicionadas à janela **«Costura»**. Os critérios para a disponibilidade da «costura» de imagens são descritos na Secção 2.22.

A imagem da janela da série selecionada é adicionada à janela **«Costura»**. Uma miniatura da imagem é adicionada à lista de imagens no painel de imagens «costura».

Para remover uma imagem da janela **«Costura»**, selecione a miniatura da imagem e clique no botão **«Eliminar imagens selecionadas»** no painel «Costura» de imagens. A imagem selecionada é removida da janela **«Costura»** e da lista de imagens no painel «Costura» imagem.

Não é possível excluir a primeira imagem (base) da visualização de costura.

2.22.4 Correspondência manual de imagens

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para alinhar imagens manualmente, siga os passos abaixo:

1. Na lista de imagens no painel «Costura», realce a miniatura da imagem que pretende misturar com a primeira imagem (base) na janela **«Costura»**.

2. Clique no botão **«Alinhe manualmente a imagem»** com o botão esquerdo, direito ou médio do rato. Para continuar a trabalhar com a ferramenta, utilize o botão que é usado para foi ativada. Para mais informações sobre a gestão de ferramentas, consulte a Secção 1.14.

3. Alinhe a imagem selecionada com a imagem de base na **«Costura»**. Para fazer isso:

   - segurando o botão do mouse com o qual a ferramenta foi ativada, mova o botão a imagem selecionada;
   - mantenha pressionada a tecla **Alt** (ou a tecla **Option** para o macOS) no teclado e a tecla e o botão do rato que ativou a ferramenta, rodar a imagem selecionada;
   - mantendo premida a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) no teclado e o botão do rato que ativou a ferramenta, escalar a imagem selecionada.

Não é possível efetuar alterações de posição, zoom ou orientação relativamente à primeira imagem (base).

4. Para cancelar todas as transformações da imagem selecionada, clique no botão **«Repor todas as transformações»** .

5. Para cancelar o zoom da imagem selecionada, clique no botão **«Repor escala»**.

Depois de todas as imagens estarem combinadas, efetue a «costura» clicando no botão **«Modo de costura»** no painel de funções «Costura» (ver Secção 2.22.6).

2.22.5 Correspondência automática de imagens

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para alinhar imagens automaticamente, siga os passos abaixo:

1. Na lista de imagens no painel «Costura», realce a miniatura da imagem que pretende alinhar com a primeira imagem (base) na janela **«Costura»**.

2. Clique no botão **«Alinhe a imagem automaticamente»** no painel funcional «Costura».

A função de fusão automática não está disponível para a primeira imagem (base).

A fusão automática de imagens pode não ser exacta. Para melhorar o resultado, recomenda-se que aproxime manualmente a imagem selecionada para o local de sobreposição pretendido manualmente (consulte a Secção 2.22.4) e, em seguida, utilize a função de alinhamento automático.

Depois de todas as imagens terem sido combinadas, execute a «costura» clicando no botão do **«Modo de costura»** no painel de funções «costura» (consulte a Secção 2.22.6).

2.22.6 «Costura» de imagens combinadas

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O modo «Costura» permite-lhe combinar várias imagens numa única imagem inteira. Para aplicar o modo «costura», siga os passos abaixo:

1. Alinhe as imagens na **«Costura»** manualmente (ver Secção 2.22.4) ou automaticamente (ver Secção 2.22.5).

2. Clique na seta do lado direito do botão **«Modo de costura»** no painel de funções de Costura de imagem e selecione um dos métodos de costura. O modo de costura selecionado é definido por predefinição e é aplicado quando se clica novamente no botão **«Modo de costura»**.

- **«Cortar a sobreposição»**. Nas áreas onde as imagens se sobrepõem, o valor da intensidadené definido igual ao valor de intensidade da imagem com um número de imagem mais pequeno. Este método é marcado com uma bandeira e selecionado como uma forma de «costurar» imagens por defeito;
- **«Sobreposição de mistura»**. Nas áreas onde as imagens se sobrepõem, o valor da intensidade é definido como resultado da mistura da intensidade de todas as imagens sobrepostas.

3. Clique no botão **«Modo de costura»** na barra de funções de costura da imagem. A imagem na janela **«Costura»** mudará da mesma forma,como mostrado na Fig. 2.68 (à esquerda as imagens mescladas antes da costura, à direita — depois).

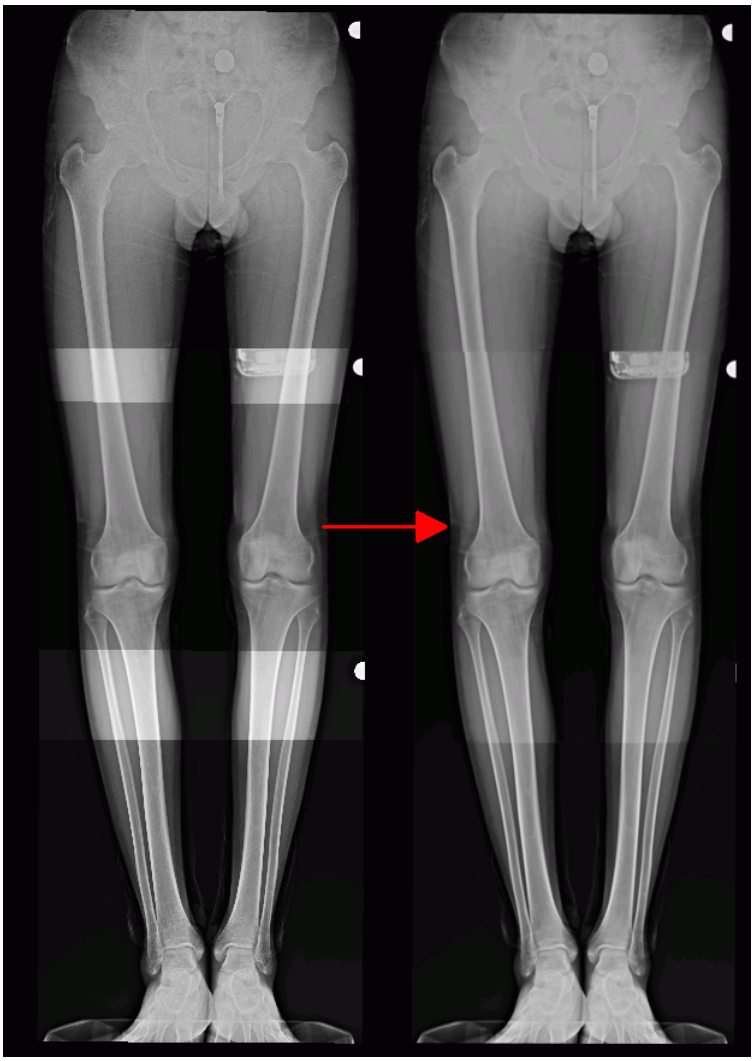


Figure 2.68: Alterações no modo «costura» (à direita «Imagem cosida»)

Quando o modo de costura é ativado (o botão do **«Modo de costura»** no painel Costura está realçado), as definições de opacidade da imagem são repostas, os seletores de controlo da opacidade da imagem não estão disponíveis.

2.22.7 Exportar os resultados da costura de imagens

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O resultado da «costura» de imagens pode ser exportado para o estudo atual para uma nova série ou para um ficheiro *.png* ou *.jpg* num diretório especificado (ver Secção 2.28).

Antes de exportar os resultados da costura, selecione a janela **«Costura»** e ative a opção de costura clicando no botão **«Modo de costura»** na barra de funções «Costura».

2.22.8 Imprimir os resultados da costura de imagens

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite imprimir o resultado da «costura» de imagens tanto em papel e em filme (ver Capítulo 19).

Antes de adicionar os resultados da «costura» à lista de impressão, selecione a janela **«Costura»** e ative o modo de «costura» clicando no botão **«Modo de costura»** .

2.23 Visualização de imagens

As tabelas de cores são concebidas para mostrar os pixels que possuem diferentes densidade, com cores diferentes para comodidade. As cores na tela não correspondem às reais.

2.23.1 Seleção da tabela de cores

Selecione uma tabela de cores a partir da lista pendente no painel de configurações de visualização (Fig. 2.69).

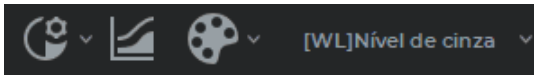


Figure 2.69: Painel de configuração de visualização

Os seguintes grupos de tabelas estão disponíveis para seleção:

- relativa **[WL]**;
- absoluto **CT** e **XA**;
- especial **«Paleta de cores»**. Utilizado para a visualização correta de imagens que tenham pelo menos uma imagem com o valor de etiqueta *Photometric Interpretation (0028,0004)*, igual a PALETA DE CORES.

Se a primeira imagem apresentada contiver o valor PALETA DE CORES na etiquet *Photometric Interpretation (0028,0004)* quando a série é aberta, a tabela de cores **«Paleta de cores»** é automaticamente definida . Se a primeira imagem apresentada da série contiver um valor de etiqueta diferente *Photometric Interpretation (0028,0004)*, é selecionada a tabela de cores relativas do grupo **[WL]**. Neste caso, para visualizar imagens de séries que contenham PALETA DE CORES na etiqueta *Photometric Interpretation (0028,0004)* , é necessário selecionar manualmente a tabela de cores **«Paleta de cores»**.

Quando se utiliza a tabela de cores **«Paleta de cores»**, o botão **«Janela/Nível personalizado»** não está disponível.

2.23.2 Editar a lista das tabelas de cores

Para editar a lista, abra a aba configurações da Tabela de Cores, pressionando o botão **«Tabelas de consulta de cores»** . A aba é mostrada na Fig. 2.70.

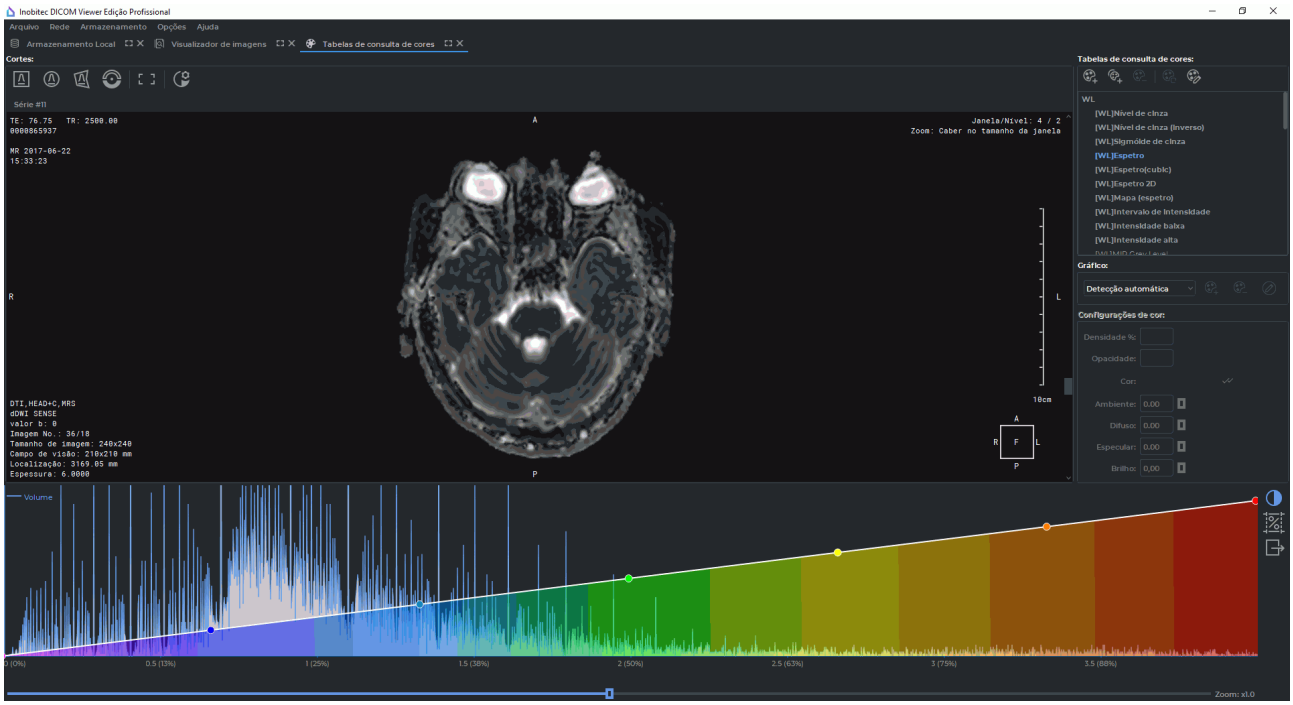


Figure 2.70: Aba «Configurações das tabelas de cores»

Do lado direito da aba está o painel de configuração da tabela de cores (Fig. 2.71).

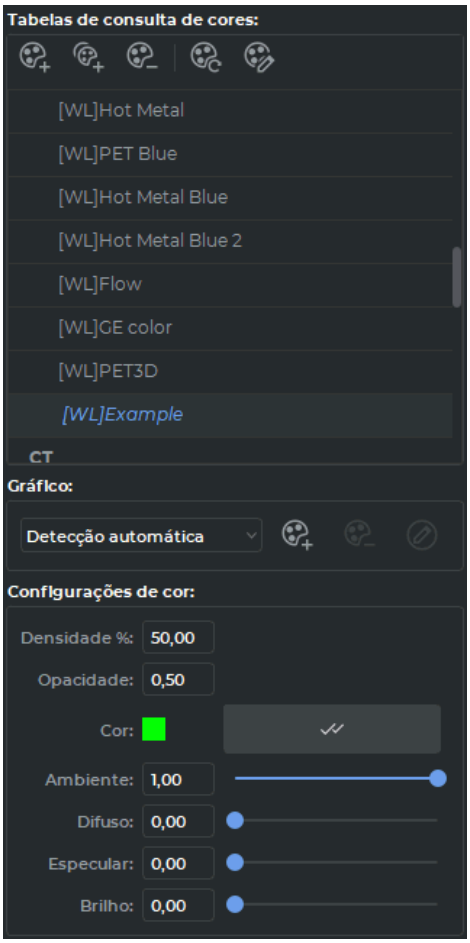


Figure 2.71: Painel de configuração das tabelas de cores

No topo do painel estão os botões de edição da lista de tabelas de cores.

	«Adicionar tabela nova de consulta de cores como cópia da atual» acrescenta uma nova tabela como uma cópia da selecionada
	«Adicionar grupo novo» adiciona um novo grupo de tabelas de cores
	«Remover tabela de consulta de cores/grupo selecionada(o)» elimina a tabela selecionada ou grupo. Eliminar grupos pré-definidos e algumas tabelas de cores é impossível
	«Repor tabela de consulta de cores selecionada para o estado original» retoma os valores iniciais para a tabela de cores selecionada
	«Editar tabela de consulta de cores/grupo» abre o diálogo de ajuste de core tabela de cores ou grupo

Os grupos combinam várias tabelas de cores (por exemplo, WL, CT, XA) e servem para estruturar a lista. Na lista pendente (Fig. 2.69) são indicados com uma seta (Fig. 2.72). Descrição

do processo de atribuição de um tipo de grupo de tabela de cor de usuário na Seção 2.23.4.

Figure 2.72: Grupo das tabelas de cores

2.23.3 Parâmetros da tabela de cores

Para ver as propriedades da tabela selecionada na janela em análise, clique no botão **«Função de transferência de visualização»** . Na parte inferior da janela de análise, abre-se um painel com o gráfico da função de transmissão de visualização (exemplo na Fig. 2.73).

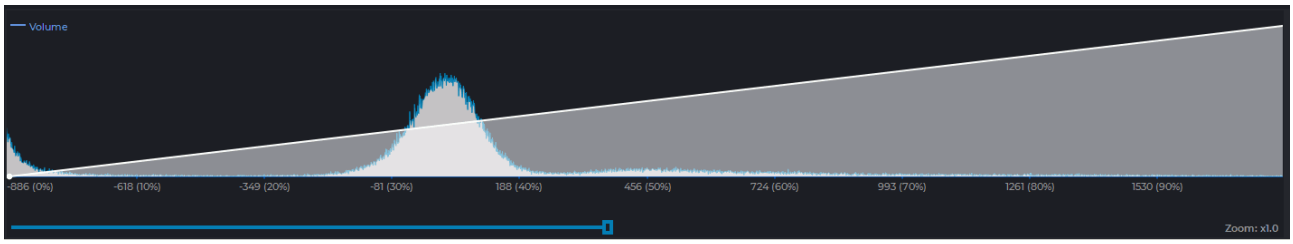


Figure 2.73: Gráfico da função de transferência de visualização

O eixo das abcissas mostra a intensidade, o eixo das ordenadas o número de pontos com a intensidade dada (linha azul). A escala por padrão pode não permitir logo visualizar o gráfico da distribuição da intensidade (azul). Para alterar a escala do eixo das abcissas, leve o cursor para o eixeo ou mova a roda do mouse quando o cursor estiver sobre a linha do slider. O valor da escala é mostrado à direita da linha do slider. Para alterar a escala do eixo das coordenadas, mova a roda do mouse quando o cursor estiver sobre o painel de configuração da visualização, mas não na linha do slider. Na Fig. 2.74 é mostrado o mesmo gráfico que no desenho anterior, mas com a escala do eixo das abcissas aumentado.

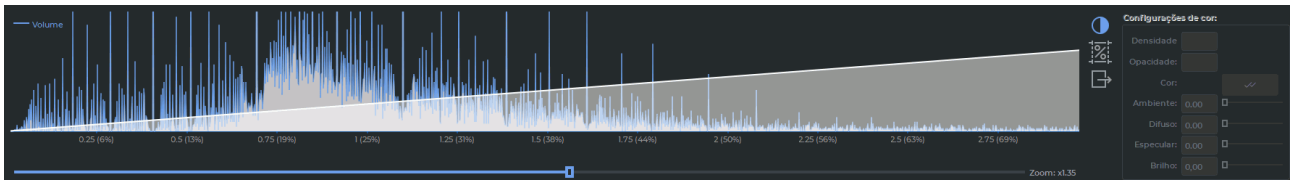


Figure 2.74: Gráfico de distribuição de intensidade com a escala do eixo das abcissas aumentado

Na parte superior do gráfico de distribuição de intensidade, é mostrado o diagrama de cores da transparência (linha branca). No eixo das abcissas também é mostrada a intensidade, e no eixo das ordenadas, a transparência da cor que destaca os pontos com os dados da

intensidade. A cor é mostrada sob o diagrama. A escala do eixeo das abcissas para ambos os gráficos muda-se uma vez, enquanto a escala do eixo das ordenadas para o diagrama não muda. A transmissão do gráfico para o eixo das abcissas é feita com o mouse com o botão esquerdo segurado

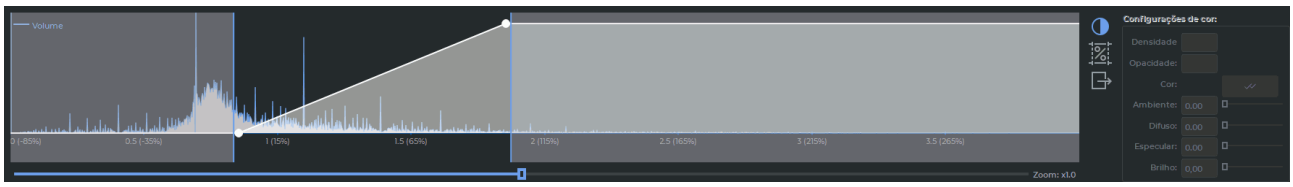


Figure 2.75: Visualização dos limites do nível e da largura da janela

Para exibir o nível e largura atuais da janela **(W/L)** na janela do histograma, clique no botão **«Ajustar Janela/Nível»** no painel da função de transferência da visualização. O modo é ativado por padrão. Os limites atuais do nível e largura da janela são mostrados pelas linhas azuis verticais na janela do histograma (Fig. 2.75).

O DICOM Viewer permite mover os limites do nível e largura da janela na janela do histograma. Para isso, leve o cursor do mouse para um dos limites para que o cursor fique com o aspecto de setas ⟷, e, segurando o botão esquerdo do mouse, mova o limite. Na aba de visualização de imagens planas, os limites de largura e níveis da janela são mostrados apenas para as tabelas de cores relativas (tabelas com o marcador de grupo [WL]). Se na aba de visualização de imagens planas for selecionada uma tabela de cor absoluta (tabela com o marcador de grupo CT), então as margens do nível e largura da janela não são mostradas no histograma. O botão **«Ajustar Janela/Nível»** no painel de função de transferência de visualização torna-se indisponível. Nas abas **«Reconstrução MPR»** e **«Reconstrução volumétrica»** os limites do nível e largura da janela são mostrados no histograma para todos os tipos de tabelas de cores.

Para saber qual a porcentagem de tecidos possui a densidade na gama indicada, clique no botão **«Percentagem de histograma»**, mova o cursor para o início da gradação, e, segurando o botão esquerdo do mouse, mova o curso para o final da gradação. A porcentagem de tecidos que possuem densidade dentro dos limites da gradação, é indicada em cor vermelha dentro da gradação (Fig. 2.76). Para editar um intervalo insira o cursor nas suas margens e mova a margem com o botão esquerdo do mouse pressionado. Para mover a gradação, coloque o cursor do mouse sobre ele para que fique com o formato , e mova-o, segurando o botão esquerdo do mouse. Várias gradações podem ser construídas ao mesmo tempo. Para apagar as gradações construídas, novamente clique no botão **«Percentagem de histograma»**.

Para exportar os dados sobre a distribuição das densidades clique no botão . Na caixa de diálogo que abrir, indique o nome do arquivo e pasta para salvar, e clique em **«Salvar»** para concluir ou **«Cancelar»** para cancelar a operação.

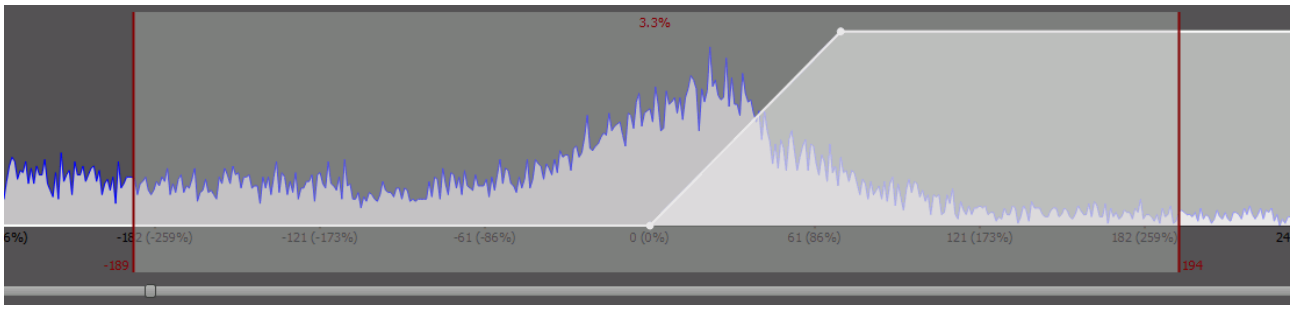


Figure 2.76: Porcentagem de coincidência do histograma

2.23.4 Criação e edição de tabelas de cores

Siga os passos abaixo para criar e editar tabelas de cores:

1. Abra a aba de configurações de tabelas de cores clicando no botão **«Tabelas de consulta de cores»** . A aba é mostrada na Fig. 2.70.

2. Copie uma das tabelas de cores existentes, destacando-a na lista e pressionando o botão **«Adicionar tabela nova de consulta de cores como cópia da atual»** .

3. Para renomear a tabela de cores, faça duplo clique esquerdo sobre ela, digite um novo nome e pressione o botão **Enter** no teclado. No nosso o exemplo da Fig. 2.71, a tabela *«[WL]Example»* foi renomeada.

4. Defina os parâmetros necessários:

   - Cor no ponto. selecione um ponto no gráfico de cor/transparência. Ficarão disponíveis as configurações de cor para esse ponto. Para definir a cor para todos os pontos selecionados para esse ponto, clique no botão **«Aplicar a todos os pontos do gráfico»** .
   - Densidade. Define a posição do ponto no eixo das abcissas. Uma forma alternativa de definir o parâmetro é movendo o ponto com o mouse pelo eixo das abcissas.
   - Opacidade. Define a opacidade desse cor. 1 - é o valor máximo, e 0 o mínimo. Uma forma alternativa de definir é movendo o ponto pelo eixo das ordenadas.

5. Para adicionar um ponto, coloque o cursor do mouse sobre o gráfico, clique com o botão direito e selecione **«Adicionar ponto»**.

6. Para apagar um ponto, passe o cursor do mouse sobre o ponto, clique com o botão direito e selecione **«Remover ponto»**.

7. Para voltar às configurações iniciais da tabela de cores realçadas, pressione o botão **«Repor tabela de consulta de cores selecionada para o estado original»** .

8. Para atribuir um tipo de grupo à tabela de cores, pressione o botão **«Editar tabela de consulta de cores/grupo»** localizada no topo do painel de configurações da

Tabela de Cores. Na caixa de diálogo **«Tabelas de consulta de cores»** (Fig. 2.77) selecione a partir da lista pendente o tipo de grupo a que a tabela pertence:

- **«Janela»** se a tabela for relativa e tiver um marcador de grupo [WL];
- **«Absoluto»** se a tabela for absoluta e tiver um marcador de grupo CT e XA.

Pressione **«OK»** para aplicar as configurações ou **«CANCELAR»** para cancelar.

9. Para adicionar os marcadores que a tabela deve ter, clique no botão **«Editar tabela de consulta de cores/grupo»** na parte superior do painel de tabelas de cores. Na janela de diálogo **«Tabelas de consulta de cores»** (Fig. 2.77) clique no botão **«ADICIONAR TAG»** e insira o nome do marcador. Para renomear o marcador, clique duas vezes com o botão esquerdo do mouse no nome do marcador, insira o nome e pressione o botão **«Enter»** no teclado. Para apagar o marcador, selecione-o e clique no botão **«REMOVER TAG»**.

   Pressione **«OK»** para aplicar as configurações ou **«CANCELAR»** para cancelar.

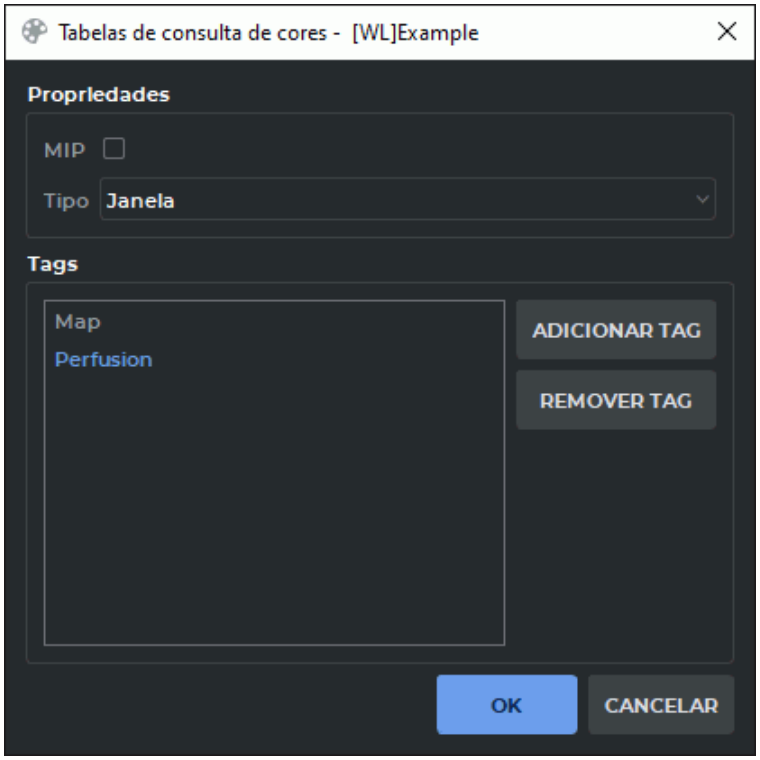


Figure 2.77: Diálogo «Tabelas de consulta de cores»

Para apagar a tabela de cores selecionada, pressione a tecla **«Remover tabela de consulta de cores/grupo selecionada(o)»** .

O DICOM Viewer permite adicionar diagramar adicionais de cor/transparência. Para isso, realize as seguintes ações:

1. Clique no botão **«Adicionar gráfico»** . O novo diagrama aparece na parte inferior da janela e o seu nome será adicionado à lista de diagramas. A lista é mostrad na Fig. 2.78.

2. Para renomear o diagrama selecionado na lista, pressione o botão **«Editar nome do gráfico»** , introduza um novo nome e pressione a tecla **Enter** no teclado.

3. Para apagar o diagrama selecionado na lista, pressionar o botão **«Remover gráfico»** .

4. Para mover o eixo das coordenadas horizontais, posicione o cursor no lado esquerdo para que ele não fique sobre nenhum diagrama e mova o mouse com o botão esquerdo pressionado.

5. Para mover um diagrama arbitrário com o mouse, selecione a partir da lista de diagramas o item **«Detecção automática»**, passe o cursor do mouse sobre o diagrama e mova o mouse com o botão esquerdo pressionado.

6. Para mover um determinado diagrama com o mouse, selecione-o a partir da lista de diagramas, passe o cursor do mouse sobre ele e mova o mouse com o botão esquerdo pressionado. Este modo é útil se os diagramas estiverem sobrepostos.

Se os diagramas se sobrepuserem, ocorrerá a mistura das cores.

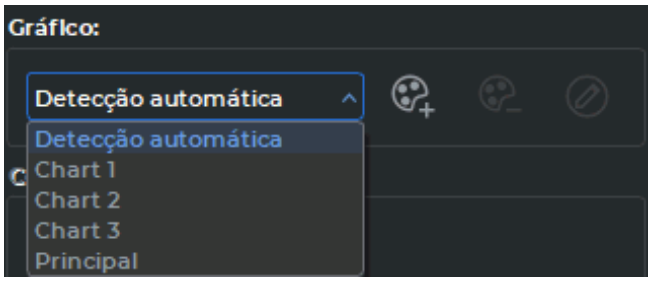


Figure 2.78: Lista de diagramas

2.23.5 Importação de tabelas de cores personalizadas

Tabelas de cores personalizadas podem ser importadas a partir de uma versão do programa para outra. A importação das tabelas de cores permite adotar as tabelas personalizadas para outros usuários ou para outra versão do DICOM Viewer. Ver 16.9.3 para mais informações.

2.24 Medição de SUV

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O SUV (Standardized Uptake Value) é um valor, que reflete a intensidade do acúmulo de contraste nos tecidos. Para medir o valor SUV, realize as seguintes ações:

1. Abra uma série adequada para medir um SUV.
2. No menu principal **«Imagem»**, selecione **«SUV»** e no menu pendente, o comando **«Mostrar SUV»**. Se a série não for adequada para medição de SUV, o item **«SUV»** está inativo. Se a medição do SUV já estiver ativa, o comando **«Mostrar SUV»** está sinalizado com um marcador.
3. Se necessário, altere a tabela de cores para **[WL]PET**, selecionando-o da lista pendente ou pressionando **Shift+F8** no teclado. Ver Seção 2.23.1 para mais informações.
4. Se os dados contidos na análise forem insuficientes, aparecerá um diálogo, mostrado na Fig. 2.79. Forneça as seguintes informações:
   - **Tipo de SUV**. Selecione um dos quatro métodos de cálculo de SUV:
     - por peso corporal: **SUV peso corporal (SUVpc)**.

$$SUVbw(g/ml) = pixel(Bq/ml) * \frac{weight(g)}{dose(Bq)} \tag{2.13}$$

     - por área de superfície corporal: **SUV área de superfície corporal (SUVasc)**;

$$SUVbsa\left(cm^2/ml\right) = \frac{pixel\,(Bq/ml)\,weight(kg)^{0.425} * 0.007184 * 10000(cm^2/m^2)}{dose\,(Bq)} \tag{2.14}$$

     - pelo índice de massa corporal de James: **SUV massa corporal magra (SUVmcm James)**
       Para os homens:

$$SUVlbm(\frac{g}{ml}) = \frac{pixel(\frac{Bq}{ml})(1.1 * weight(kg) - 120.0(\frac{weight(kg)}{height(cm)})^2)}{decayedDose} \tag{2.15}$$

       Para as mulheres:

$$SUVlbm(\frac{g}{ml}) = \frac{pixel(\frac{Bq}{ml})(1.07 * weight(kg) - 148.0(\frac{weight(kg)}{height(cm)})^2)}{decayedDose} \tag{2.16}$$

     - por índice de massa corporal Janmahasatian: **SUV massa corporal magra (SUVmcm Janmahasatian)**

$$SUVlbm(\frac{g}{ml}) = \frac{pixel(\frac{kBq}{ml})}{dose(MBq) * lbm(Kg)} \tag{2.17}$$

$$bmi(Kg/m^2) = \frac{weight(kg)}{height(m)^2} \tag{2.18}$$

Para os homens:

$$lbm(Kg) = \frac{9270 * weight(kg)}{6680 + 216 * bmi(Kg/m^2)} \tag{2.19}$$

Para as mulheres:

$$lbm(Kg) = \frac{9270 * weight(kg)}{8780 + 244 * bmi(Kg/m^2)} \tag{2.20}$$

– pelo índice de massa corporal de James (consenso): **SUV Lean Body Mass SUVlbm James (consensus)**
Para os homens:

$$SUVlbm(\frac{g}{ml}) = \frac{pixel(\frac{Bq}{ml})(1.1 * weight(kg) - 128.0(\frac{weight(kg)}{height(cm)})^2)}{decayedDose} \tag{2.21}$$

Para as mulheres:

$$SUVlbm(\frac{g}{ml}) = \frac{pixel(\frac{Bq}{ml})(1.07 * weight(kg) - 148.0(\frac{weight(kg)}{height(cm)})^2)}{decayedDose} \tag{2.22}$$

- **Peso do paciente (Kg)** (não é necessário para o método da superfície corporal);
- **Altura do paciente (cm)**;
- **Dose injetada (MBq)**;
- **Data e hora de injeção**;
- **Data e hora de aquisição**;
- **Semivida (min)**;
- **Sexo** (não necessário para os métodos de cálculo baseados no peso do paciente e na área corporal);
- se for necessário exibir resultados de medição para ferramentas ROI SUV, defina o marcador **«Usar SUV para ferramentas ROI»**. Para calcular o SUV, clique em **«OK»**. Para cancelar a operação, clique em **«CANCELAR»**. Se os dados para o cálculo forem insuficientes (por exemplo, o peso ou a altura do paciente não for indicada ou for igual a zero), então o botão **«OK»** está inativo.

5. Para alterar as configurações para o cálculo do SUV, no menu principal **«Imagem»** selecione o item **«SUV»** e no menu pendente o comando **«Configurações...»**

6. Quando a medição do SUV é ativada, o valor aparece na parte superior esquerda da janela no ponto onde se encontra o cursor. Por exemplo: **SUVlbm: -0.092 g/ml**. Mova o cursor sobre a imagem para medir o SUV. Note-se que o botão **«Mostrar os rótulos»** deve ser pressionado (ver Seção 2.27).

7. Para calcular o SUV em uma determinada área ou ponto, utilize a ferramenta ROI (ver Seção 2.19.7). Note que na janela de ajustes deve Estar marcado o marcador **«Usar SUV para ferramentas ROI»**.

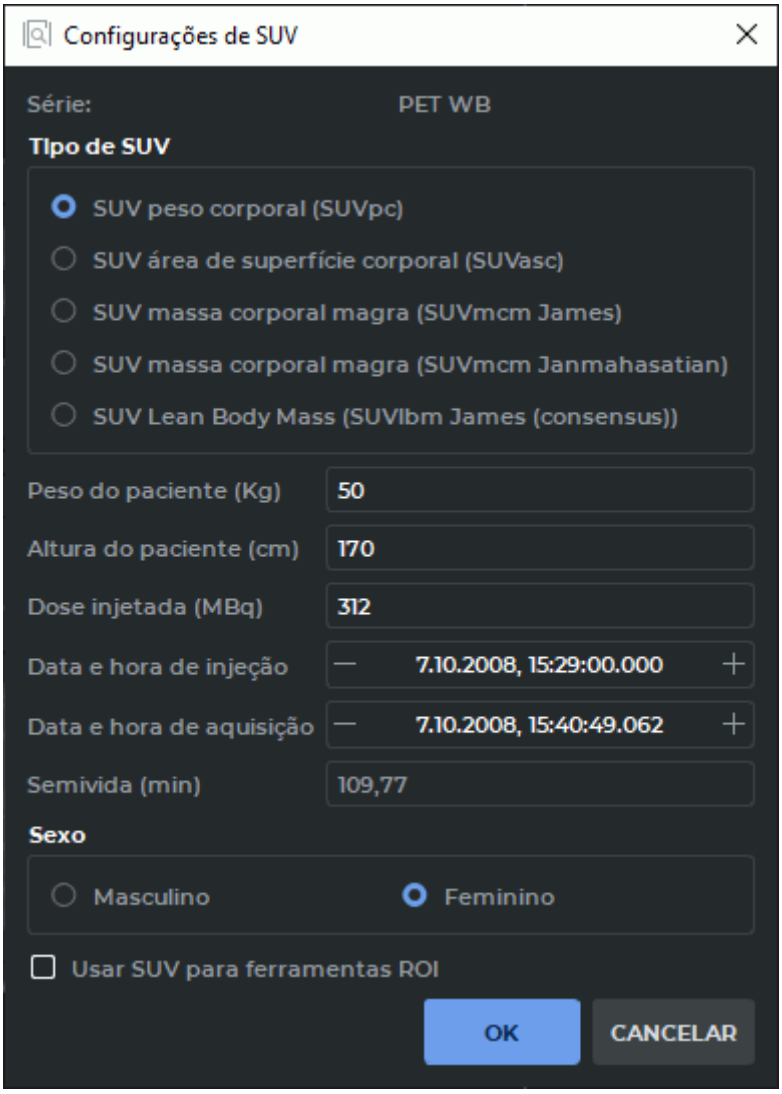


Figure 2.79: Configurações de medição de SUV

Se, para uma série, a data e hora da sua criação for maior do que a hora e data da análise, uma mensagem de aviso aparece no diálogo de configurações: **«Aviso: Esta série pode ser pós-processada em que data de criação não corresponde à aquisição»**.

Para desativar a medição do SUV, a partir do menu principal **«Imagem»**, selecione o item **«SUV»** e o comando **«Mostrar SUV»** no menu pendente. Para os ROIs construídos, são exibidas as informações sobre a densidade.

2.25 Determinação da concentração de cálcio nas artérias coronárias

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite medir as características quantitativas associadasà concentração de cálcio nas artérias coronárias utilizando a ferramenta **«Medição de cálcio»**.

As condições de disponibilidade dos instrumentos são as seguintes

- a modalidade da série é **«CT»**;
- a série contém informações sobre a espessura dos cortes;
- os cortes da série são apresentados em projeção axial (ver Secção 2.13).

Se estas condições não forem cumpridas, a ferramenta **«Medição de cálcio»** não está disponível.

Dependendo de qual ferramenta foi selecionada para a construção da área, o botão possui o aspecto:

Ca	**«Medição de cálcio (elipse)»** (selecionada por padrão)
Ca	**«Medição de cálcio (polígono)»**

Para selecionar uma destas ferramentas, pressione a seta do lado direito do botão de escolha de ferramenta.

2.25.1 Construção das áreas de medição

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para medir a concentração de cálcio, proceder da seguinte forma:

1. Abra uma série de TC adequada para a ativação da ferramenta de medição de cálcio no visualizador de imagens planas (Seção 2.25). Se necessário, alterar a projeção da vista em série para a vista axial (Seção 2.13).
2. Selecione a imagem em que pretende medir o cálcio.
3. Ative a ferramenta Ca **«Medição de cálcio (elipse)»** ou Ca **«Medição de cálcio (polígono)»** com o esquerdo do mouse. As ferramentas são iguais a **«Elipse ROI»** e **«Polígono ROI»** (Seção 2.19.7). Se a análise não contiver informações sobre a idade

e/ou o sexo do paciente, aparece uma janela mostrada na Fig. 2.80. Insira os dados faltantes e clique em **«OK»** para continuar ou **«CANCELAR»** para cancelar a medição. Após pressionar **«OK»**, esse diálogo não aparece mais até o fechamento da janela de visualização de imagens planas. Para alterar o sexo e/ou a idade do paciente, deve-se fechar a janela de visualização de imagens planas e voltar ao primeiro item.

4. Quando a ferramenta de medição de cálcio está habilitada, na tela é mostrada uma janela como na Fig. 2.81. Se necessário, mova-a. Para isso, coloque o cursor no cabeçalho da janela (identificado com cor vermelha na imagem) e mova-a, segurando o botão esquerdo do mouse. Na parte superior da janela estão dispostos os botões de seleção de vasos:

   - **ACE** — artéria coronária esquerda
   - **ADAE** — artéria descendente anterior esquerda
   - **CXE** — artéria circunflexa esquerda
   - **ACD** — artéria coronária direita

   Pressione o botão correspondente à artéria para a qual deseja realizar a medição. A escolha da artéria não tem qualquer efeito sobre o resultado da medição.

5. Desenhe uma elipse ou polígono ao redor da área afetada. A construção é descrita na Seção 2.19.7 (**«Elipse ROI»** e **«Polígono ROI»**). Ao lado da medição é mostrado um bloco com os seguintes dados:

   - o nome da artéria (corresponde ao botão pressionado durante a construção);
   - a área das lesões. Se mais do que uma lesão estiver incluída na área de medição das lesões, deduz-se a sua área total;
   - indice Agatston;
   - volume de cálcio.

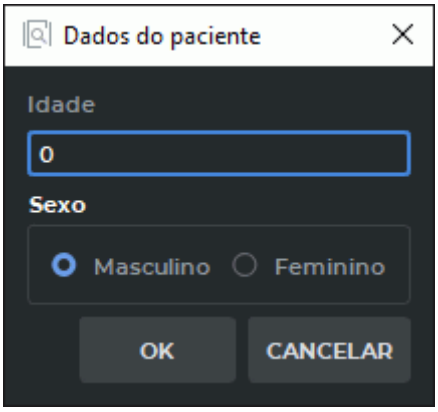


Figure 2.80: Diálogo de inserção de dados do paciente

Figure 2.81: Medição de cálcio

Se alterar a projeção de axial para qualquer outra projeção, a ferramenta é desativada.

Para desligar a ferramenta, pressione o botão de seleção de ferramenta **«Medição de cálcio (elipse)»** ou **«Medição de cálcio (polígono)»** ou feche a janela **«Medição de cálcio»**. Todas as alterações feitas são guardadas até que a janela de visualização de imagens planas seja fechada.

2.25.2 Ações com áreas de medição

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A edição e a transferência das áreas das medições são descritas na Seção 2.19.11, transferência do resultado da medição, na Seção 2.19.12.

Para alterar os parâmetros da visualização, realize as seguintes ações:

1. Ative a ferramenta de medição de cálcio.
2. Coloque o cursor sobre a área de medição ou sobre o bloco com os resultados da medição para que se destaquem.
3. Clique com o botão direito do mouse e selecione **«Opções da ferramenta...»**.
4. Introduza um nome de medição na caixa de diálogo que se abre.
5. Defina a cor clicando com o botão esquerdo do mouse sobre o quadrado colorido.
6. Defina a espessura da linha e o tamanho da fonte
7. Para que o bloco com os resultados das medições seja unificado com a medição da linha pontilhada, deve ser habilitada a opção **«Nota de rodapé»**.
8. Para que o bloco de resultados de medição seja mostrado, deve ser habilitada a opção **«Mostrar os rótulos»**.
9. Para que estas configurações sejam utilizadas como padrão para novas medições, deve ser marcada a opção **«Definir por padrão»**.
10. Para aplicar as configurações, pressione **«OK»**. Para cancelar as alterações, pressione **«CANCELAR»**.

2.25.3 Resultados das medições

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A janela na Fig. 2.81 mostra os seguintes resultados e parâmetros de medidas:

1. para cada vaso separadamente e cumulativamente:
   - Área das lesões (Area);
   - Número das lesões (N);
   - Escore de Agatston (EC);
   - Volume de cálcio (Volume);
2. Sexo;
3. Faixa etária;
4. Percentil.

O índice Agatston é calculado utilizando a fórmula

$$I_{cs} = \left(\sum_{i=1}^{n} S_i F_i \right) \frac{T_{slice}}{3.00} \tag{2.23}$$

onde I_{cs} é o índice Agatston, n é o número de lesões, S_i é a área da *i*-ésima lesão, F_i é o fator de densidade da *i*-ésima lesão, T_{slice} é a espessura da seção. F_i é determinada com base no valor máximo da densidade de píxels na área da lesão:

Densidade máxima de píxels	F_i
130—199 HU	1
200—299 HU	2
300—399 HU	3
$\geqslant$ 400 HU	4

O volume de cálcio é calculado utilizando a fórmula

$$V_{cs} = \left(\sum_{i=1}^{n} S_i \right) T_{slice} \tag{2.24}$$

onde V_{cs} é o volume de cálcio, n é o número de lesões, S_i é a área da *i*-ésima lesão, T_{slice} é a espessura do corte.

Percentis coronários de cálcio para homens e mulheres em cada faixa etária

	Idade								
	<40	40-44	45-49	50-54	55-59	60-64	65-69	70-74	>74
Homens (25251)	3504	4238	4940	4825	3472	2288	1209	540	235
25° prócentile	0	0	0	1	4	13	32	64	166
50° prócentile	1	1	3	15	48	113	180	310	473
75° prócentile	3	9	36	103	215	410	566	892	1071
90° prócentile	14	59	154	332	554	994	1299	1774	1982
Mulheres (9995)	641	1024	1634	2184	1835	1334	731	438	174
25° prócentile	0	0	0	0	0	0	1	3	9

	Idade								
	<40	40-44	45-49	50-54	55-59	60-64	65-69	70-74	>74
50° prócentile	0	0	0	0	1	3	24	52	75
75° prócentile	1	1	2	4	23	57	145	210	241
90° prócentile	3	4	2	55	121	193	410	631	709

Os resultados das medições são exportados em formato html e podem ser nseridos no editor de relatório (ver. Capítulo 18) ou num editor de texto que suporte marcação html, como o LibreOffice Writer ou o Microsoft Word. Para o fazer, clique no botão **«EXPORTAR PARA ÁREA DE TRANSFERÊNCIA»**, crie um documento em um processador de texto e cole a informação que copiou no mesmo.

2.26 Projeções em seções

A ferramenta **«Mostrar projeções de cortes da série»** aplica-se se estiver aberta mais de 1 série para um determinada análise. Permite a projeção de imagens de uma série na visualização de outras séries se ela estiverem sincronizadas.

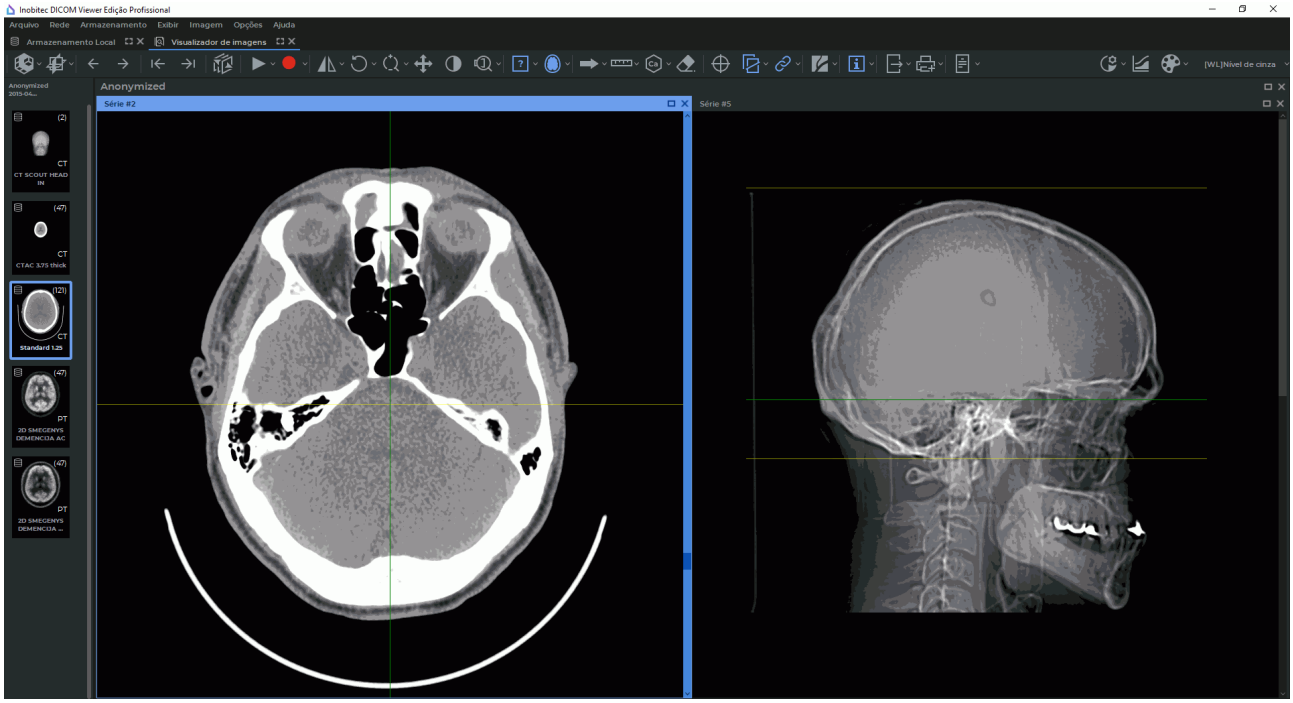


Figure 2.82: Projeção de uma imagem aberta na janela da esquerda para imagem aberta do lado direito

Por padrão, é mostrada a projeção atual em cor verde, e em amarelo a projeção das seções das margens (Fig. 2.82). Se o modo de visualização de projeções de todas as seções estiver ativado, as seções intermediárias são mostradas pontilhadas, e a atual e as das margens com linhas contínuas.

As séries de estudo devem ter o mesmo valor do marcador «FrameOfReferenceUID (0020,0052)». Se a série de estudo tiver um valor diferente do marcador «FrameOfReferenceUID (0020,0052)», as linhas de projeção para os dados das séries não são exibidas.

2.26.1 Menu de ferramenta

O menu de ferramenta **«Mostrar projeções de cortes da série»** (Fig. 2.83) contém os seguintes itens:

1. O modo **«Mostrar todas as projeções de cortes»** mostra as projeções de todas as imagens da série, e não apenas a atual.

2. O modo **«Mostrar linhas de escoteiros»** mostra projeções de linhas de reconhecimento delimitadas em todas as janelas abertas. O modo é predefinido.

3. O modo **«Projeções de cortes na visualização selecionada»** mostra na imagem na janela selecionada as projeções das imagens abertas em outras janelas.

4. O modo **«Projeções de cortes da visualização selecionada»** mostra a projeção da imagem da janela selecionada para as imagens em todas as outras janelas.

5. **«Configurações de linha...»** abre a caixa de diálogo das configurações da linha de projeção (Fig. 2.84).

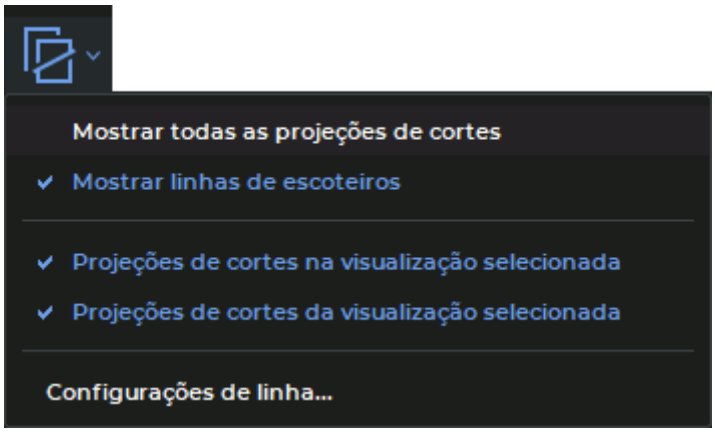


Figure 2.83: Menu de configuração para modos de visualização de projeção de cortes

Para ativar/desativar o modo ferramenta, pressione com o botão direito do mouse o botão e marque/desmarque a caixa junto ao modo selecionado, clicando no ponto correspondente com o botão esquerdo do mouse.

Os modos de trabalho são ativados independentemente um do outro.

Por padrão, a ferramenta é ativada e selecionado o modo **«Projeções de cortes da visualização selecionada»**. Para ativar/desativr a ferramenta, clique em na barra de ferramentas.

2.26.2 Configuração das linhas de projeção

Para configurar a espessura e a cor das linhas de projeção, proceda da seguinte forma:

1. Clique na seta do lado direito do botão e selecione **«Configurações de linha...»**. A janela mostrada na Fig. 2.84 se abrirá.
2. Defina a cor para a linha. Para o fazer, clique com o botão esquerdo do mouse sobre o botão seletor de cor, na janela que se abre, selecione a cor pressione **«OK»**.
3. Defina a espessura da linha.
4. Para aplicar as alterações, pressione o botão **«OK»**. Para cancelar a ação, pressione o botão **«CANCELAR»**.

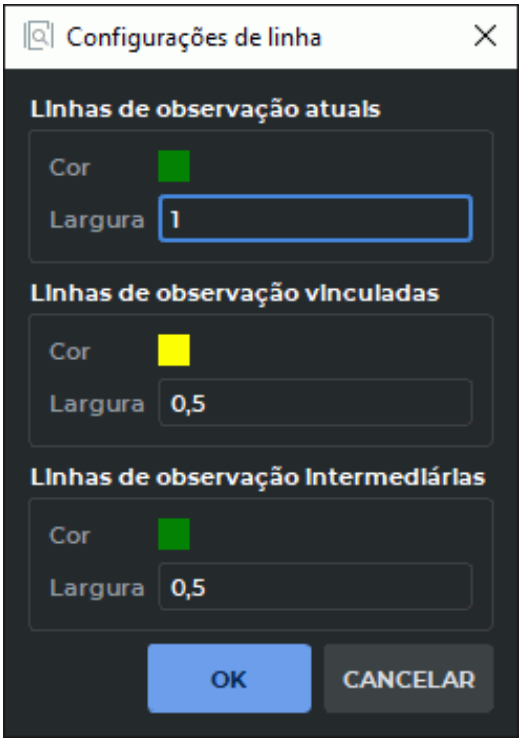


Figure 2.84: Caixa de diálogo de configurações de linhas de projeção

2.27 Configuração da área de trabalho do DICOM Viewer

A ferramenta **«Mostrar os rótulos»** permite-lhe esconder/mostrar informações sobre a imagem exibida nas janelas das séries. A configuração é usada para todas as séries abertas

na aba atual. Por padrão, a ferramente é ativada. Para ativar ou editar a ferramenta, clique no botão **«Mostrar os rótulos»** na barra de ferramentas.

A ferramenta é utilizada para ajustar a visibilidade:

- **do cubo de orientação**. Localizado no canto inferior direito da janela (para mais detalhes, ver a Seção 2.30.1). Para exibir/ocultar o cubo, pressione a seta do lado direito do botão **«Mostrar os rótulos»** e marque/desmarque **«Mostrar cubo de orientação»**. A visualização do cubo é ativada por padrão;

- **letras de orientação**. As letras estão situadas nos lados da janela de visualização. Para exibir/ocultar o letras de orientação, pressione a seta do lado direito do botão **«Mostrar os rótulos»** e marque/desmarque **«Mostrar letras de orientação»**. A visualização do letras de orientação é ativada por padrão. A opção só está disponível para o separadores **«Reconstrução volumétrica»** e **«Reconstrução MPR»**;

- **das coordenadas do ponto**. As coordenadas do ponto sob o cursor são exibidas. Para exibir as coordenadas de um ponto na janela de visualização, pressione a seta do lado direito do botão **«Mostrar os rótulos»** e ative/desative o marcador **«Mostrar coordenadas do ponto»**. As coordenadas do ponto são exibidas na janela de visualização acima da qual se encontra o cursor. As coordenadas são mostradas como a primeira linha no canto inferior esquerdo no formato *«X: px Y: px»* (para imagens originais) ou *«X: vx Y: vx Z: vx»* (para imagens reconstruídas);

- **do valor de intensidade no ponto abaixo do cursor**. Para exibir o valor da intensidade, clique na seta no botão **«Mostrar os rótulos»** e marque/desmarque o marcador **«Mostrar valor de ponto»**. O valor da intensidade é mostrado na segunda linha no canto inferior esquerdo da janela de visualização, na qual se encontra o cursor. O valor da intensidade é mostrado no formado *«Valor: k HU»* (para análise CT) ou *«Valor: k»*, onde *k* é o valor da intensidade no ponto sob o cursor. Se as medições não forem precisas, ao lado do valor da intensidade no ponto é mostrado o símbolo «*», por exemplo, na aba **«Reconstrução MPR»** ou ao utilizar filtros de interpolação. Ver as seções 2.5 e 5.3 para mais detalhes;

- **dos marcadores mostrados**. Para configurar a lista de marcadores exibidos nas janelas de visualização e anotações, clique na seta do lado direito do botão **«Mostrar os rótulos»**, selecione o comando **«Definir etiquetas visíveis...»**.

  Por defeito, todas as etiquetas são visíveis na janela de visualização e a cor das etiquetas é branca. Na caixa de diálogo **«Etiquetas»** (Fig. 2.85), defina na coluna **«Visivel»** as bandeiras para as etiquetas que pretende visualizar. A coluna **«Cor»** mostra a cor de cada etiqueta. Para alterar a cor, clique no retângulo na linha da etiqueta selecionada e selecione a cor pretendida. Nos separadores abertos anteriormente, a cor das etiquetas muda depois de a imagem ser atualizada.

  O conjunto de etiquetas apresentadas depende da série e do módulo em que a caixa de diálogo «Etiquetas» é aberta.

Figure 2.85: Seleção dos marcadores a serem mostrados

Para aplicar as alterações, pressione o botão **«OK»**. Para cancelar a ação, pressione o botão **«CANCELAR»**.

Para ajustar o tamanho do texto da anotação, pressione a seta do lado direito do botão **«Mostrar os rótulos»**, selecione **«Definir o tamanho do texto das etiquetas...»** e na caixa de diálogo que se abre, introduzir um valor inteiro ou um valor fracionário. Para aplicar as alterações, pressione o botão **«OK»**. Para cancelar, pressione o botão **«CANCELAR»**.

2.28 Exportação de imagens

2.28.1 Exportar para o DICOM

A exportação para DICOM permite a exportação de imagens para uma série que estiver disponível enquanto a análise atual estiver aberta. Para exportar, realize as seguintes ações:

1. Clique na seta do lado direito do botão **«Exportação rápida de imagens»** na barra de ferramentas e selecione **«Exportar imagens...»** ou pressione a combinação de teclas **Ctrl+E** (ou teclas **Command+E** para o macOS).

2. Selecione a aba **«Exportar para DICOM»**. A janela de exportação aparecerá como mostrado na Fig. 2.86.

3. Selecione a série a exportar. Se nenhuma série tiver sido previamente exportada, então apenas a opção **«Criar uma série nova»**. está disponível. Se alguma exportação já tiver sido realizada, pode-se realizar a exportação para a última série criada, selecionando a opção **«Usar uma série existente»**.

4. Se for necessário carregar rapidamente as imagens exportadas para o visualizador DICOM, marque a opção **«Carregar imagem para o servidor padrão»**. Se no DICOM Viewer não for definido nenhum servidor por padrão, essa opção estará inativa.

5. Selecione um conjunto de imagens para exportar. Há 3 opções disponíveis:

   - Imagem atual;
   - Série inteira;
   - Imagens da fase atual (apenas séries multifásicas).

6. Selecione o tipo de captura. Há 3 opções disponíveis:

   - **Captura de tela**: é obtida toda a área da janela de visualização, incluindo as informações sobre a imagem sem processamento, realizado pelo usuário;
   - **Captura de imagem**: é obtida apenas a imagem visível na área de trabalho com os processamentos realizados pelo usuário;
   - **Dados de imagem não processados**: é obtida apenas a imagem como um todo. Dos processamentos do usuário é considerado apenas o reflexo.

7. Defina o tamanho da imagem, se necessário.

8. Para exportar, pressione o botão **«OK»**. Para cancelar a exportação, pressione o botão o botão **«CANCELAR»**.

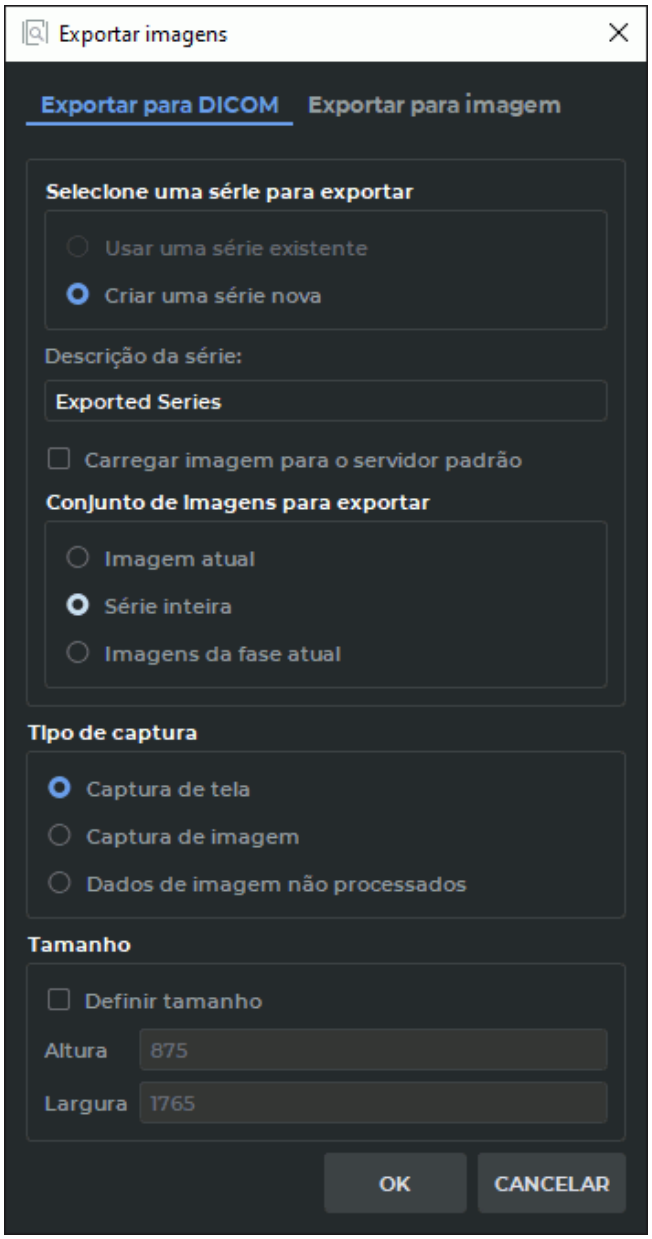


Figure 2.86: Janela de exportação no DICOM

Para exportar mais imagens para o formato DICOM com as configurações atuais, clique na parte esquerda do botão **«Exportação rápida de imagens»** ou na tecla **F5** no teclado.

A ferramenta está também disponível na seção **«Imagem»** do menu principal.

Os resultados da exportação de imagens para a série DICOM dependem do filtro aplicado à imagem (Secção 2.6).

Uma imagem com um filtro aplicado não é a imagem original e os resultados da medição podem ser imprecisos.

2.28.2 Exportar para uma imagem

Exportar para imagem permite-lhe exportar a imagem atual para uma pasta com uma extensão png ou jpg. Para exportar, realize os seguintes passos:

1. Pressione a seta do lado direito do botão **«Exportação rápida de imagens»** na barra de ferramentas e selecione **«Exportar imagens...»** ou pressione a combinação de teclas **Ctrl+E** (ou teclas **Command+E** para o macOS).

2. Selecione a aba **«Exportar para imagem»**. A janela de exportação será exibida com a imagem mostrada na Fig. 2.87.

3. Defina o caminho para a pasta a exportar, introduzindo-o no campo **«Caminho para exportar»** ou clique em e selecione o caminho na caixa de diálogo.

4. Introduza um nome para o arquivo.

5. Selecione um tamanho de arquivo a partir da lista pendente.

6. Selecione um conjunto de imagens para exportar. Há 3 opções disponíveis:

   - Imagem atual;
   - Série inteira;
   - Imagens da fase atual (apenas séries multifásicas).

7. Selecione o tipo de captura. Há 3 opções disponíveis:

   - Captura de tela: é obtida toda a área de trabalho da janela de visualização, incluindo as informações processadas sobre a imagem e o fundo;
   - Captura de imagem: apenas a imagem visível na área de trabalho é capturada (com o cálculo da escala);
   - Imagem inteira: apenas a imagem como um todo é capturada, independentemente da escala.

8. Defina o tamanho da imagem, se necessário.

9. Para exportar, pressione o botão **«OK»**. Para cancelar a exportação, pressione o botão o botão **«CANCELAR»**.

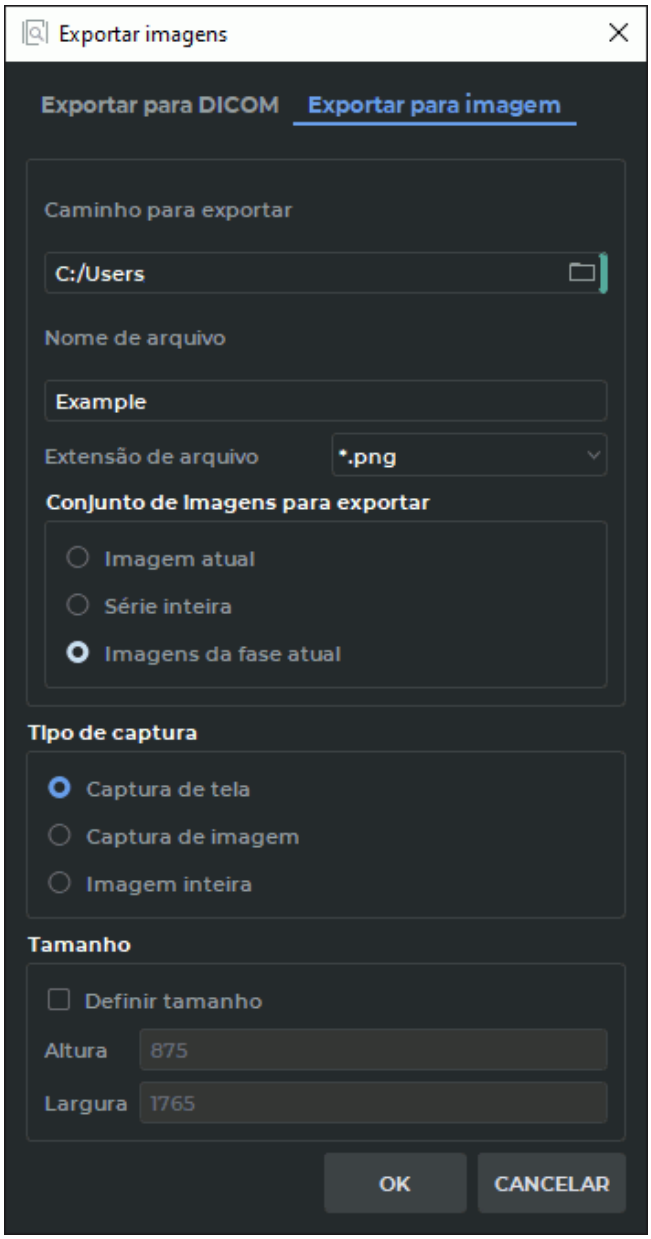


Figure 2.87: Janela de exportação de imagem para o arquivo

Para exportar imagens para o arquivo utilizando as configurações atuais, clique na parte esquerda do botão **«Exportação rápida de imagens»** ou a tecla **F5** no teclado. Os nomes das pastas serão definidos automaticamente. Ao tentar exportar duas vezes a imagem atual, o DICOM Viewer emite o aviso **«Arquivo com o mesmo nome já existe. Deseja substituí-lo?»**. Para reescrever a imagem, clique em **«SIM»**. Para cancelar, clique em **«NÃO»**.

A ferramenta está também disponível na seção **«Imagem»** do menu principal.

Os resultados da exportação de imagens para a série DICOM dependem do filtro aplicado à imagem (Secção 2.6).

Uma imagem com um filtro aplicado não é a imagem original e os resultados da medição podem ser imprecisos.

2.29 Modo DSA

O modo DSA permite o processamento processar séries multifase e multiframe com níveis diferentes de contraste, e um dos frames é deduzido a partir de todos os frames da série. Aplica-se a séries com CT, MRI e modalidades de raios X.

De seguida, descreve-se como visualizar séries de estudo com vários fotogramas. A visualização de séries de estudos multifásicos é efectuada da mesma forma.

Imagens de tecido denso (por exemplo, osso) podem ser deduzidas de imagens dos vasos de contraste, o que conduzirá a uma perda de informação

2.29.1 Visualização com cálculo de frames únicos

Para estudos que contenham multiframes com níveis variáveis de contraste baixo, uma das frames é deduzida de todas as frames da série. Para aplicar o modo DSA, execute os seguintes passos:

1. Abrir análise no modo de visualização de imagens planas.

2. Pressione o lado esquerdo do botão **«Subtração digital angiográfica (DSA)»** . O primeiro frame da série é deduzido de todos os frames dessa série.

3. Navegue pelas frames, movendo o slider ou a roda do mouse, colocando o cursor na listra de navegação no painel de visualização de frames (Fig. 2.88).

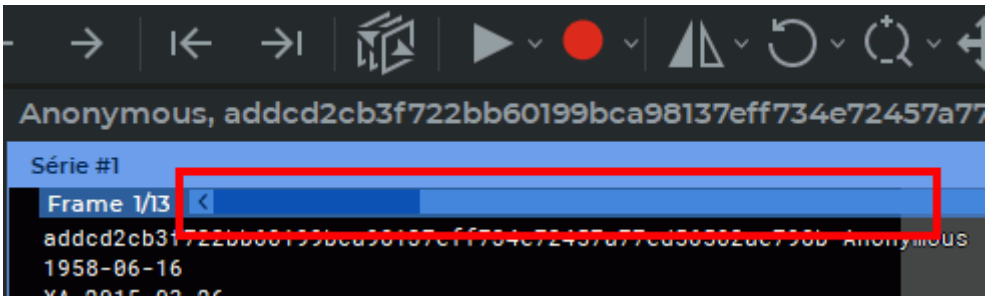


Figure 2.88: Barra de rolagem de frames

4. Se for necessário deduzir outro frame de todos os frames, selecione-o com a ajuda da rolagem no painel de rolagem de frames, clique na seta no botão e selecione **«Definir a imagem atual como principal»**.

5. Se uma série de frames for tirada com um offset, corrija o offset selecionando o comando **«Ajustar automaticamente o deslocamento da imagem»** do menu da ferramenta **«Subtração digital angiográfica (DSA)»**.

6. Para corrigir o desvio manualmente, selecione o comando **«Regulação manual»** no menu da ferramenta **«Subtração digital angiográfica (DSA)»** e altere a disposição dos

frames com o botão que aparece na janela de visualização de imagens (Fig. 2.89) ou com as teclas direcionais do cursor ← ↑ ↓ → no teclado.

7. Se necessário, altere a largura e o nível da janela.

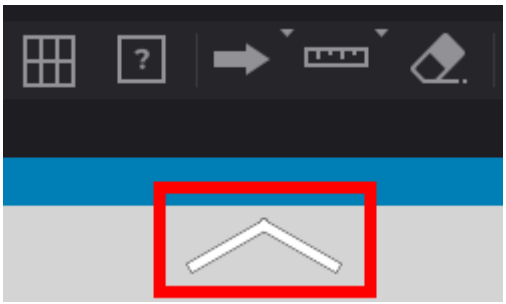


Figure 2.89: O botão de desvio manual está destacado em vermelho

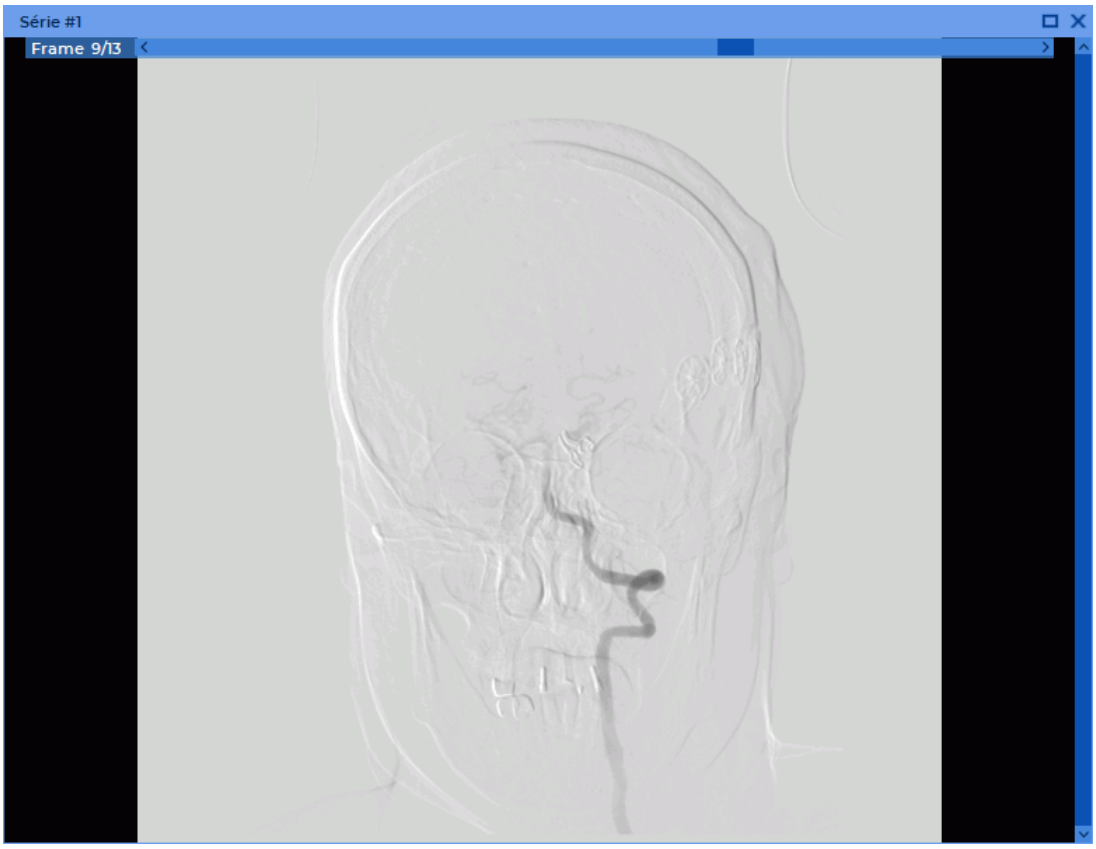


Figure 2.90: Visualizar tecidos com níveis de contraste variáveis no modo DSA

2.29.2 Visualização com dedução de uma série de frames

Para análises que contêm no mínimo duas séries de frames e imagens vinculados feitos com diferentes níveis de contraste, os frames e imagens da série são deduzidos dos frames e imagens correspondentes de outras ´series. Para utilizar o modo DSA, realize as seguintes ações:

1. Abra a análise no visualizador de imagens planas.
2. Selecione as séries cujo frame deve ser deduzido dos quadros de outra série.
3. Ative o modo DSA pressionando o lado esquerdo do botão .
4. Pressione a seta do lado direito do botão **«Subtração digital angiográfica (DSA)»** . Se a análise contiver os dados necessários, o comando **«Definir imagens da série como principais»** está disponível. Selecione esse comando.
5. Vá para outra série de frames, movendo a roda do mouse ou o slider na parte direita da janela de visualização de imagens.
6. Percorra os frames da série movendo o cursor ou rodando a roda do mouse colocando o cursor na barra de rolagem (Fig. 2.88).
7. Se necessário, altere a largura e o nível da janela.

A ferramenta está também disponível no menu de contexto de imagem e na seção **«Imagem»** do menu principal.

2.29.3 Visualização com subtração de várias séries do mesmo estudo, combinadas numa série multifásica

A série combinada pode ser utilizada para visualizar no modo de angiografia de subtração digital (DSA) e avaliar a distribuição do contraste no tecido em intervalos de tempo.

1. Abra a série combinada na vista de imagem plana (ver Secção 2.12).
2. Percorra as fases e imagens da série movendo os cursores nas barras de deslocação das fases e imagens.
3. Ativar o modo DSA clicando no botão **«Subtração digital angiográfica (DSA)»** .
4. Selecionar a fase cujas imagens se pretende subtrair das imagens das outras fases,clicar na seta do lado direito do botão e selecionar o comando **«Definir a imagem atual como principal»**.
5. Se necessário, altere a largura e o nível da janela.

A ferramenta está também disponível no menu de contexto de imagem e na seção **«Imagem»** do menu principal.

2.30 Informações de imagem na janela da série

2.30.1 Cubo de orientação

No canto inferior direito encontra-se o cubo de orientação (Fig. 2.91). Os marcadores nele permitem compreender de que lado a imagem é vista. Abreviações dos marcadores:

A — Anterior (frente)

R — Right (direita)

L — Left (esquerda)

P — Posterior (traseiro)

F — Foot (lado do pé)

H — Head (lado da cabeça).

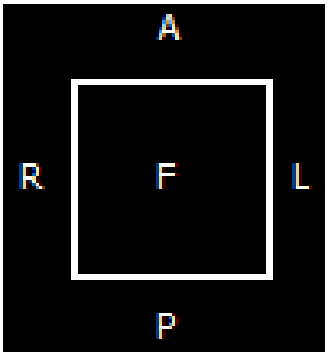


Figure 2.91: Cubo de orientação

Se na borda do cubo estiver escrito «F», significa que a imagem é vista de baixo; se perto da costela estiver escrito «R», significa que desse lado do frames se encontra o lado direito do paciente.

As configurações da imagem do cubo e das letras (marcadores) de orientação está disponível em detalhes na Seção 2.27.

2.30.2 Régua

No lado direito da janela encontra-se uma barra de 10 cm de escala.

2.30.3 Informação do frame

As informações sobre o frame são dispostas no canto inferior esquerdo. Dependendo do tipo de análise, elas podem conter os seguintes parâmetros:

- **Imagem No** — número da imagem atual na série/número total de imagens da série;
- **Tamanho de imagem** — é em pixels;

- **Campo de visão** — é o tamanho da imagem em milímetros;

- **Localização** — é a posição da imagem tal como determinada pela máquina;

- **Espessura** — é o intervalo entre os cortes.

A configuração da informação da imagem apresentada é detalhada na Seção 2.27.

2.30.4 Informação sobre o paciente

A informação do paciente está contida no canto superior esquerdo.

Configuração da informação do paciente a ser apresentada (identificação do paciente, nome, idade, data de nascimento, etc.) é detalhada na Seção 2.27.

2.31 Visualização dos marcadores DICOM

Para visualizar os marcadores DICOM da imagem, realize as seguintes ações:

1. Abra a imagem.

2. Abrir o menu de contexto da imagem clicando com o botão direito do mouse sobre a imagem.

3. Selecione **«Mostrar as tags da imagem»**. Na nova aba vai se abrir uma janela de visualização dos marcadores DICOM (Seção 17).

2.32 Visualizar relatórios estruturados

Os relatórios estruturados são utilizados para transmitir e armazenar registos médicos estruturados.

Um relatório estruturado contém informações sobre o doente e o estudo. Os relatórios estruturados têm a modalidade **SR**.

Para visualizar um relatório estruturado, abra uma série SR (consulte a Secção 2.1).

A série é aberta em uma nova guia de visualização de imagem plana em uma janela separada (Fig. 2.92).

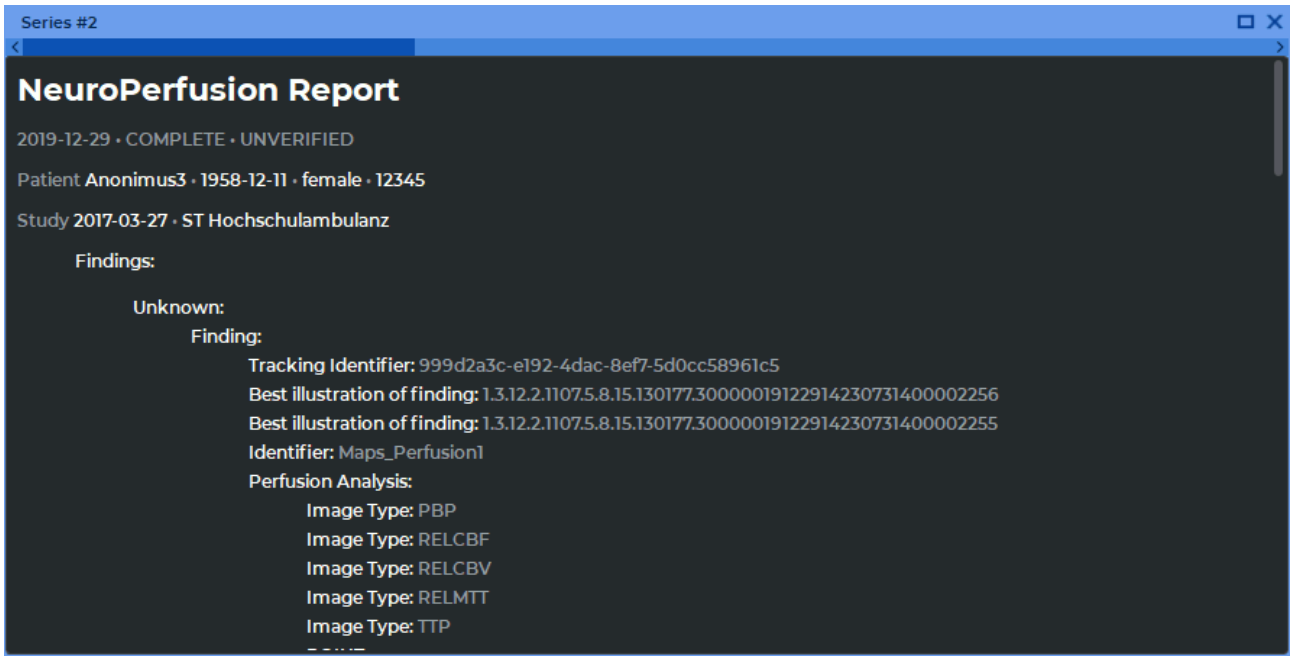


Figure 2.92: Janela de visualização dos relatórios estruturados

A janela de visualização dos relatórios estruturados pode ser personalizada, definindo os modos de disposição das séries (ver Secção 2.10). Por defeito, o modo automático de colocação das séries é definido.

A parte superior da janela do visualizador de relatório estruturado contém informações gerais sobre o paciente, o estudo e o status do relatório.

Se uma série de SR contiver mais do que um documento, é apresentada uma barra de deslocamento horizontal na parte superior da janela de visualização. A ordem pela qual os documentos são apresentados é determinada pelos nomes dos ficheiros dos documentos. Os documentos podem ser alternados entre si de várias formas:

- deslocando o seletor;
- rodando a roda do rato quando o cursor do rato está sobre a barra de deslocamento;
- utilizando os botões **«Passar para a imagem anterior»** ← e **«Passar para a próxima imagem»** → na barra de ferramentas.

O processamento de relatórios estruturados não está disponível. Os dados podem ser copiados para a área de transferência e depois colados no editor de protocolos (ver Capítulo 18) ou em qualquer editor de texto. A janela de visualização dos relatórios estruturados pode ser copiada para a área de transferência de duas formas:

- selecionar o texto selecionado, chamar o menu de contexto clicando com o botão direito do rato no texto selecionado e selecionar **«Copy»**;
- destacar o texto selecionado e prima **Ctrl+C** (ou **Command+C** para o macOS) no seu teclado.

A seleção de texto na janela de visualização dos relatórios estruturados é efetuada de várias formas:

- para selecionar a palavra inteira, faça duplo clique na palavra selecionada com o botão esquerdo do rato;
- para selecionar uma linha inteira, clique três vezes com o botão esquerdo do rato em qualquer palavra da linha;
- para selecionar um fragmento de texto, coloque o cursor em frente da primeira palavra do fragmento, que pretende selecionar, prima o botão esquerdo do rato e, mantendo-o premido, mova o cursor para a primeira palavra do fragmento;
- para selecionar todo o texto do documento, chamar o menu de contexto clicando com o botão direito do rato dentro da janela de visualização e premir o botão clique com o botão direito do rato dentro da janela de visualização e selecione **«Select all»** ou prima **Ctrl+A** (ou **Command+A** para o macOS) no seu teclado.

Para expandir a janela do relatório para ecrã inteiro e restaurar o seu tamanho, faça:

- clique duas vezes com o botão esquerdo do mouse no título da janela;
- clique no botão **«Expandir»** ☐ no canto superior direito da janela.

Para fechar a janela de relatórios estruturados, clique no botão **«Fechar janela»** ✕ no lado direito do cabeçalho da janela.

2.33 Ferramenta «Anotação gráfica»

2.33.1 Informação geral

A ferramenta permite criar em uma imagem concreta anotações gráficas em forma de indicadores (setas), elipses, polígonos e marcadores de texto. As anotações são salvas durante a sessão de trabalho com a série. As anotações são vinculadas a um ponto concreto da imagem, se sobrepõem, se escalam e viram junto com a imagem.

Dependendo de qual ferramenta seja selecionada, o botão possui aspecto diferente. Por padrão, a ferramenta **«Ícone da seta»** e o botão de seleção da ferramenta possuem a aparência ➡ .

Para ativar/desativar a ferramenta selecionada, clique na parte esquerda do botão de seleção de ferramenta de anotação gráfica. Para selecionar e ativar uma das ferramentas, clique na seta no botão de seleção de ferramenta e selecione a ferramenta necessária (Fig. 2.93).

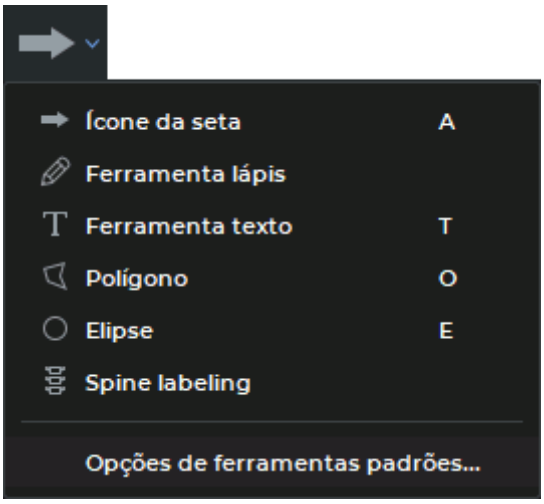


Figure 2.93: Menu de selecção de ferramentas de anotação

A ferramenta está também disponível no menu de contexto de imagem e na seção **«Imagem»** do menu principal.

As ferramentas de anotação estão disponíveis nos separadores **«Reconstrução MPR»**, **«Análise de vasos»**, **«Análise das artérias coronárias»**, **«Análise cardíaca»** e **«Análise PET»**.

2.33.2 Construção das anotações

Para criar um ponteiro sobre uma imagem, siga os passos abaixo:

1. Ative a ferramenta **«Ícone da seta»** com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. O botão assume a forma ➡ . Para uma utilização posterior da ferramenta, utilize o botão que foi utilizado para ativar a ferramenta. Mais informações sobre gestão de ferramentas, ver Seção 1.14.

2. O ponteiro em uma imagem pode ser construído de duas maneiras:

   - pressione o botão do mouse onde a seta deve apontar e enquanto mantém o botão do mouse pressionado, mova o cursor para o ponto em que a extremidade oposta da seta deve estar. Para fixar o ponto, solte o botão do mouse.

   - clique com o botão do mouse onde a seta deve apontar. Clique com o mouse onde o ponto oposto da seta deve estar. O indicador é mostrado na Fig. 2.94.

3. Para cancelar um desenho incompleto, pressione a tecla **Esc** no teclado.

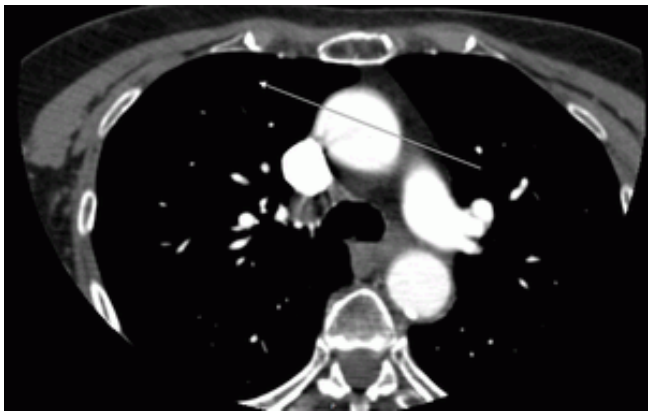


Figure 2.94: Anotação gráfica «Ícone da seta»

Para anotar uma imagem com formas e linhas de forma livre:

1. Ative a ferramenta **«Ferramenta lápis»** com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. O botão assume a forma . Para uma utilização posterior da ferramenta, utilize o botão que foi utilizado para ativar a ferramenta. Mais informações sobre gestão de ferramentas, ver Seção 1.14.

2. Clique com o botão do rato no ponto onde a linha deve começar e, enquanto mantém o botão do rato pressionado, mova o cursor. Nesse caso, é exibida uma linha que segue a trajetória do cursor. Solte o botão do rato para terminar o desenho.

3. Para cancelar um desenho incompleto, pressione a tecla **Esc** no teclado.

Para criar uma anotação de texto sobre uma imagem, proceder da seguinte forma:

1. Ative a ferramenta **«Ferramenta texto»** com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. O botão assume a forma . Para uma utilização posterior da ferramenta, utilize o botão que foi utilizado para ativar a ferramenta. Mais informações sobre gestão de ferramentas, ver Seção 1.14.

2. Clique onde deseja que o texto seja localizado.

3. Na caixa de diálogo que se abre **«Editar texto»**, introduza o texto e pressione **«OK»** para adicioná-lo à imagem, ou **«CANCELAR»**, para cancelar a ação.

Para criar um polígono sobre uma imagem, siga os passos abaixo:

1. Ative a ferramenta **«Polígono»** com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. O botão assume a forma . Para uma utilização posterior da ferramenta, utilize o botão que foi utilizado para ativar a ferramenta. Mais informações sobre gestão de ferramentas, ver Seção 1.14.

2. Clique onde deseja que seja o primeiro ponto do polígono.

3. Mova o cursor do mouse para o local onde o próximo ponto do polígono deve ser localizado. As linhas que ligam os pontos do polígono são exibidas na tela.

4. Clique no botão do mouse para fixar o ponto.

5. Repetir os passos 3, 4 até se atingir o penúltimo ponto.

6. Colocar o último ponto com um duplo clique. O polígono é retratado na Fig. 2.95.

7. Para cancelar um desenho incompleto, pressionar a tecla **Esc** no teclado.

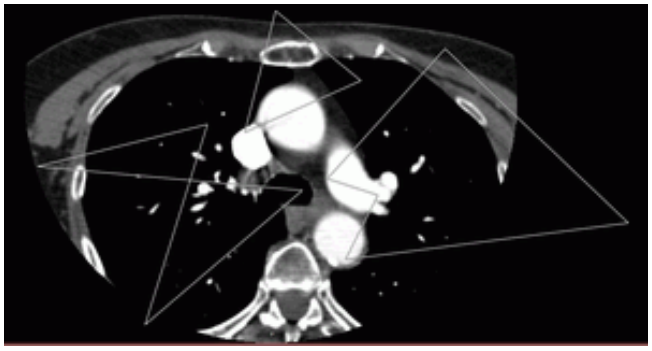


Figure 2.95: Anotações gráficas «Polígono»

Para criar uma elipse na imagem, siga os passos abaixo:

1. Ative a ferramenta **«Elipse»** com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. O botão assume a forma . Para uma utilização posterior da ferramenta, utilize o botão que foi utilizado para ativar a ferramenta. Mais informações sobre gestão de ferramentas, ver Seção 1.14.

2. Para construir uma elipse, basta construir um retângulo no qual está inscrita a elipse. A construção pode ser feita de duas maneiras:

   - clique onde deve ser localizado o primeiro canto do retângulo e, mantendo pressionado o botão do mouse, mova o cursor para o ponto onde o canto oposto do retângulo deve ser localizado. A elipse é exibida na tela. Para fixar o ponto, solte o botão do mouse;

   - clique onde deve ser localizado o primeiro canto do retângulo. Mova o cursor do mouse para a posição em que o canto oposto do retângulo deve ser posicionado. A elipse é mostrada na tela. Clique no botão do mouse para fixar o segundo retângulo. A elipse é mostrada na Fig. 2.96.

3. Para cancelar um desenho incompleto, pressione a tecla **Esc** no teclado.

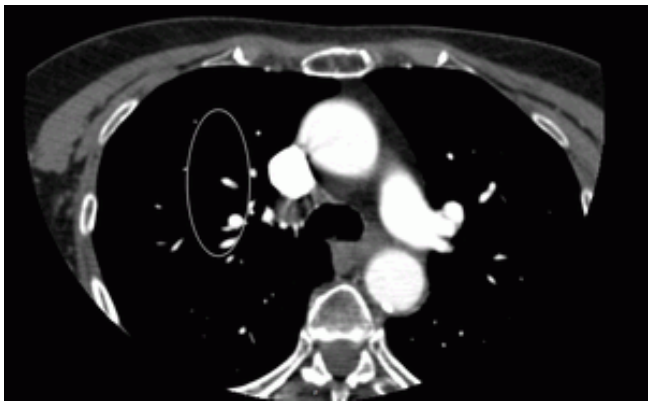


Figure 2.96: Anotação gráfica «Elipse»

2.33.3 Marcação da coluna vertebral

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A ferramenta **«Marcação da coluna vertebral»** foi projetada para marcar as vértebras da coluna cervical, torácica, lombar e sacral nas imagens da série na aba **«Visualizador de imagens»**.

Para marcar as vértebras na imagem, faça o seguinte:

1. Abra a série de pesquisa relevante na guia **«Visualizador de imagens»**.

2. Ative a ferramenta **«Marcação da coluna vertebral»** com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. O botão na barra de ferramentas obtem a forma de . Para continuar a trabalhar com a ferramenta, use o botão que ativou a ferramenta. Para obter mais informações sobre o gerenciamento de ferramentas, consulte a Seção 1.14. A ferramenta também está disponível no menu de contexto da imagem e na seção **Imagem** do menu principal.

   Quando a ferramenta **«Marcação da coluna vertebral»** é ativada, a janela de diálogo **«Definições de marcação da coluna vertebral»** é exibida (Fig. 2.97) com as configurações atuais.

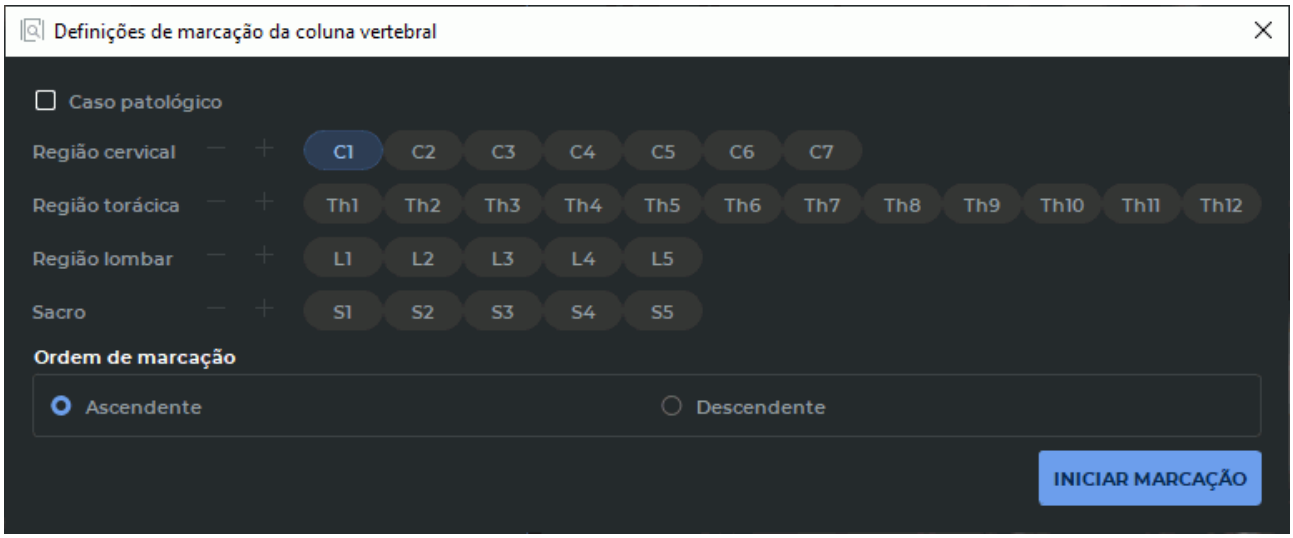


Figure 2.97: Janela de diálogo para configurar a marcação das vértebras

3. A janela de diálogo **«Definições de marcação da coluna vertebral»** mostra o número padrão de vértebras em cada parte da coluna vertebral humana. Para alterar o número de vértebras em cada região, marque a opção **«Caso patológico»**. Use os botões **«Remover vértebra»** — e **«Adicionar vértebra»** + para alterar o número de vértebras em cada região no intervalo **[N-2, N+2]**, onde **N** é o número padrão de vértebras na região correspondente. Para retornar ao número padrão das vértebras em cada região, desmarque a opção **«Caso patológico»**.

4. Selecione a primeira vértebra a partir da qual a marcação começará. Por padrão, a primeira vértebra cervical **«C1»** é selecionada.

5. Estabeleça a ordem de marcação das vértebras:

   - **«Ascendente»** (definida por padrão). A marcação é realizada desde a vértebra instalada como a primeira até **«S5»**;
   - **«Descendente»**. A marcação é realizada desde a vértebra instalada como a primeira até **«C1»**.

6. Para iniciar o processo de marcação, feche a janela de diálogo **«Definições de marcação da coluna vertebral»**, clicando no botão **«INICIAR MARCAÇÃO»** ou X no cabeçalho da janela.

7. Clique com o botão de mouse onde deseja que o primeiro marcador apareça. Mova o cursor para onde deseja que o próximo marcador esteja e clique novamente. Se a série de estudo tiver o mesmo valor de marca *FrameOfReferenceUID (0020,0052)* e o mesmo quadro de referência, os marcadores serão exibidos na série com o mesmo sistema de referência (Fig. 2.98).

8. A conclusão da construção do conjunto atual de marcadores é feita clicando duas vezes com o botão do mouse ou ao alcançar uma das vértebras mais externas (**«S5»** para **«Ascendente»**; **«C1»** para **«Descendente»**).

9. Para cancelar uma construção incompleta de um conjunto de marcadores, pressione a tecla **Esc** no teclado.

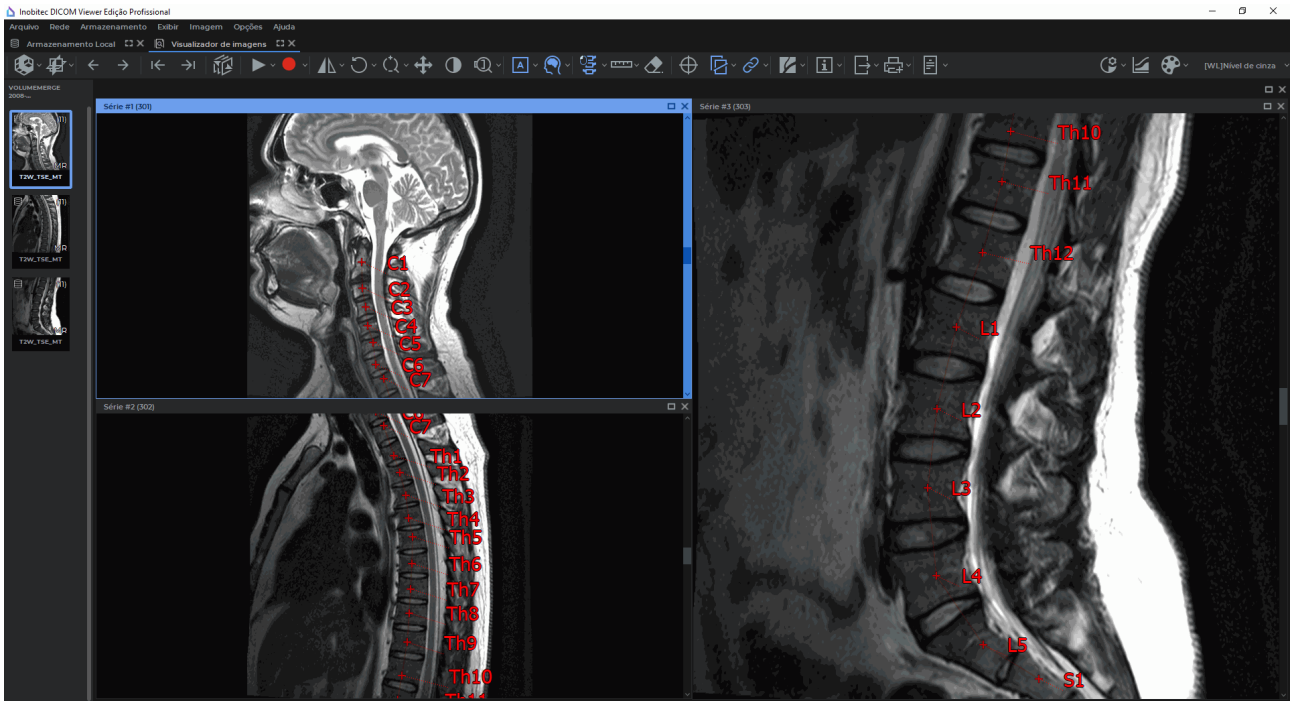


Figure 2.98: Marcação das vértebras

2.33.4 Ações com as anotações

O DICOM Viewer permite fazer o seguinte com anotações:

- Mover. Para isso, coloque o cursor sobre uma linha da figura ou no texto e, segurando o botão esquerdo do mouse ou o botão da ferramenta ativa atual, mova o objeto.
- Mover o ponto (para seta e polígono mover os vértices, e para a elipse, a margem inscrita no retângulo). Para mover um ponto, passe o cursor sobre ele e, segurando o botão esquerdo ou o botão da ferramenta ativa, mova o ponto.
- Apagar. Para o fazer, passe o cursor do mouse sobre a margem da anotação e prima a tecla **Delete** no teclado, ou clique com o botão direito do mouse e selecione **«Remover objeto»** no menu de contexto.
- Definir os parâmetros de visualização. Para isso, coloque o cursor do mouse no limite da anotação, clique com o botão direito e selecione no menu de contexto o item **«Opções de ferramenta...»**. Na janela de diálogo que aparecer, defina a cor e a largura da linha para a figura ou a cor e o tamanho da fonte para o texto.

  Para conectar a vértebra marcada ao marcador com uma linha pontilhada, defina o sinalizador **«Nota de rodapé»**. Por padrão, o sinalizador é selecionado.

  Para que os dados da configuração sejam utilizados como padrão para novas anotações, marque a opção **«Definir por padrão»**. Para usar as alterações, clique no botão **«OK»**. Para cancelar a ação, clique no botão **«CANCELAR»**.

- Editar o marcador de texto. Para o fazer, mova o cursor do mouse sobre o texto, clique com o botão direito do mouse e selecione **«Editar texto»** no menu de contexto.

Para definir as configurações padrão de visualização, pressione o lado direito do botão e selecione o comando **«Opções de ferramentas padrões...»**. Na janela de diálogo **«Opções da ferramenta»**, defina a cor e a largura da linha para a figura ou a cor e o tamanho da fonte para o texto.

Para conectar a vértebra marcada ao marcador com uma linha pontilhada, defina o sinalizador **«Nota de rodapé»**. Por padrão, o sinalizador é selecionado.

Para apagar todos os objetos, pressione o botão **«Excluir todas as anotações e medidas»** ou selecione o item correspondente a partir do menu de contexto de imagem. No diálogo de confirmação que se abre, selecione **«SIM»** para eliminação ou **«NÃO»** para cancelar. Para evitar que este diálogo volte a aparecer e para que a eliminação ocorra automaticamente, marque o item **«Não mostrar mais este aviso»** e clique em **«SIM»**. Para que o diálogo volte a aparecer, defina nas configurações a opção **«Perguntar antes de excluir todas as anotações e medidas»** (Seção 16.7.1).

Atenção: Todas as anotações e outros objetos criados manualmente são apagados ao mesmo tempo.

2.34 Sincronização de frames

A sincronização é aplicada se mais de 1 série de uma ou mais análises estiver aberta. Permite rolar os frames de diferentes séries sincronicamente. Por padrão está habilitada.

Para configurar as opções de sincronização, realize os seguintes passos:

1. Clique na seta no botão **«Sincronizar séries»** na barra de ferramentas. A ferramenta também está disponível em **«Imagem»** do menu principal.
2. No menu pendente (Fig. 2.99) do botão selecione os tipos e modos de sincronização:

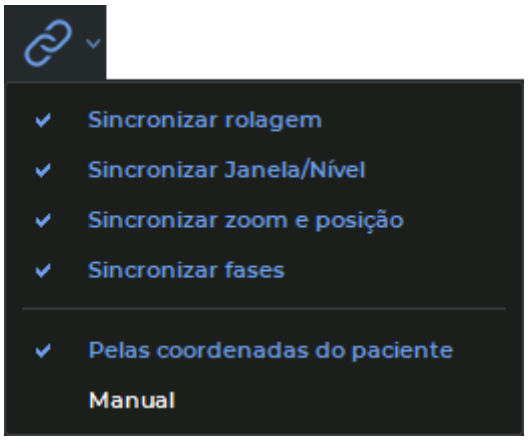


Figure 2.99: Ativação das vistas e modos de sincronização de frames

- **«Sincronizar rolagem»**. Permite rolar os frames das séries com o mesmo valor do marcador «frameOfReferenceUid» no modo **«Pelas coordenadas do paciente»**. Se o valor do frame «frameOfReferenceUid» nas séries for diferente, a sincronia no modo **«Pelas coordenadas do paciente»** não é realizada. Para realizar a sincronia das séries com valores diferentes do marcador «frameOfReferenceUid», habilite o modo **«Manual»**.

  A sincronização é realizada para seções localizadas em planos paralelos entre si.

- **«Sincronizar Janela/Nível»**. A sincronia das alterações de largura e nível da janela (W/L) é realizada para as séries com a modalidade **CT**. Para as séries com outras modalidades, a sincronia é realizada apenas nos casos de valores recomendados de largura e nível de janela (W/L) iguais. O modo selecionado não influencia no funcionamento desse tipo de sincronia;

- **«Sincronizar zoom e posição»**. Permite sincroniar a alteração do zoom da imagem e a movimentação. O funcionamento dessa opção depende do modo selecionado.

  - No modo **«Pelas coordenadas do paciente»**:
    * sincroniza o zoom e o deslocamento de frames das séries com o mesmo valor do marcador «frameOfReferenceUid». Se o valor do marcador «frameOfReferenceUid» nas séries for diferente, a sincronia não é realizada;
    * são considerados os tamanhos reais da imagem. Os objetos nas seções que possuem as mesmas dimensões são mostrados do mesmo modo;
    * os centros das janelas são sincronizados. No centro da janela está disposta a projeção do ponto do centro da janela sincronizada no plano da seção da janela sincronizada;
    * se a opção **«Sincronizar escala e posição dos cortes em diferentes projeções»** na aba **«Ferramentas»** do módulo **«Visualizador de imagens»** (mais informações na Seção 16.7.1) estiver habilitada, a sincronia é realizada para as seções dispostas nos planos paralelos ao plano da seção sincronizada. Se a opção estiver habilitada, a paralelismo das seções na sincronia da escala não é considerada.
  - Em modo **«Manual»**:
    * são consideradas as dimensões reais da imagem. Os objetos nas seções que possuem o mesmo tamanho são mostrada do mesmo jeito;
    * se o centro da janela de sincronização se mover, o centro da sincronização se move a mesma distância;
    * se a opção **«Sincronizar escala e posição dos cortes em diferentes projeções»** na aba **«Ferramentas»** do módulo **«Visualizador de imagens»** (mais informações na Seção 16.7.1) estiver habilitada, a sincronia é realizada para as seções dispostas nos planos paralelos ao plano da seção sincronizada. Se a opção estiver habilitada, o paralelismo das seções na sincronia da escala e a movimentação não é considerado.

- **«Sincronizar fases»**. As fases das imagens são sincronizadas por número. Se na série sincronizada estiver definido o número da fase maior que a quantidade de fases da série sincronizada, então na série sincronizada é definida a fase com o número máximo. A seleção do modo não influencia na funcionalidade desse tipo de sincronia.

Nas janelas que mostram várias imagens, ao calcular o escalonamento e a disposição, são utilizadas as características da primeira imagem.

A sincronia dos frames ocorre automaticamente. Para incluir a sincronia, clique na parte esquerda do botão **«Sincronizar séries»**.

Para ter a sincronização desativada quando o DICOM Viewer é iniciado como padrão, remova a opção **«Ativar sincronização de imagens por padrão»** no diálogo de configurações de visualização de imagens (Seção 16.7.1).

2.35 Sincronização por ponto

Para ir em todas as janelas para as seções mais próximas ao ponto selecionado, utilize a ferramente **«Sincronizar por ponto»**. Para sincronizar, defina em uma das janelas de visualização o ponto de saída. No ponto selecionado aparecerá uma cruz. Nas janelas sincronizadas são mostradas as seções mais próximas ao ponto selecionado, e no ponto mais próximo da seção sincronizada aparece uma cruz.

Se o ponto de saída coincidir com a seção sincronizada, a cruz é mostrada com um ponto preto no meio.

A largura da seção é definida pelo aparato de diagnóstico.

2.36 Ferramenta «Espelhar imagem horizontalmente / verticalmente»

Esta ferramenta permite espelhar imagens. O botão possui diferentes aspectos, dependendo de qual modo seja utilizado por último (**«Inverter a imagem horizontalmente»**, **«Inverter a imagem verticalmente»**). A configuração padrão é o modo de espelhamento horizontal.

Para ativar/desativar a ferramenta, pressione no lado esquerdo do botão. Se mais do que uma série estiver aberta na janela de visualização, então está incluído um espelhamento para cada uma.

Para selecionar outro modo de espelhamento, clique na seta na parte esquerda do botão e marque a opção próxima do modo necessário. Ambos os modos de espelhamento podem ser ativados ao mesmo tempo.

A ferramenta está disponível também na seção **«Imagem»** do menu principal.

2.37 Calibração do dimensionamento

Ao gerar raios X, os tamanhos das imagens são aumentados em comparação com as dimensões reais do tecido (Fig. 2.100).

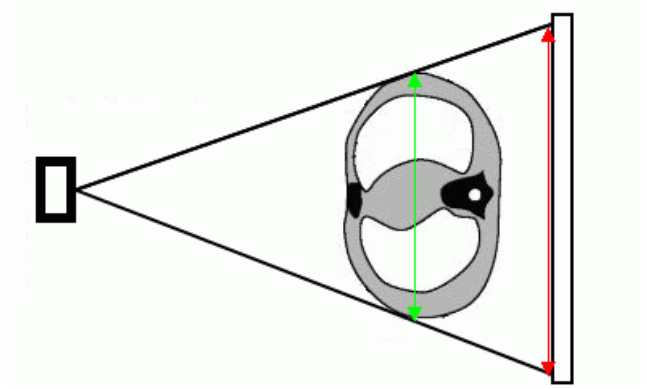


Figure 2.100: A seta verde mostra o tamanho real dos tecidos, em vermelho - o tamanho na imagem

Por conseguinte, o tamanho determinado pelo equipamento de raios X pode não ser correto. Se na imagem houver um objeto cujo tamanho for conhecido (por exemplo, um cateter), então a calibração das dimensões da imagem é possível. Para isso, siga os seguintes passos:

1. Selecione no menu principal **«Imagem»**, a ferramenta **«Calibração»**.

2. A seção de calibração pode ser construída de duas maneiras:

   - defina o primeiro ponto da seção clicando com o botão esquerdo do mouse na imagem. Movendo o cursor pela tela, encontre o segundo ponto da seção de calibração. Com isso, a seção é mostrada na tela e junto a ela é mostrado o seu comprimento. Defina o segundo ponto da seção clicando com o botão esquerdo do mouse;

   - pressione com o botão do mouse no primeiro ponto da seção de calibração e, mantendo o botão do mouse pressionado, mova o cursor para o ponto final. Junto à linha é mostrado o comprimento da seção de calibração. Para fixar o ponto final da seção, solte o botão do mouse.

3. Na caixa de diálogo que aparece, introduza o comprimento real do segmento construído (Fig. 2.101). Para calibrar as dimensões, pressione **«OK»**. Para cancelar a calibragem o botão **«CANCELAR»**.

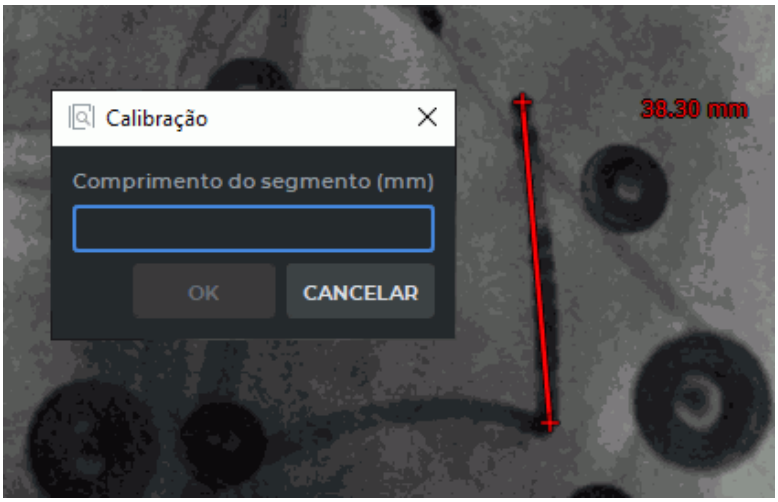


Figure 2.101: Calibragem do tamanho da imagem

Se a calibração for cancelada, a seção de calibração permanece na imagem. Para ocultar a secção de calibragem, mova o cursor sobre ela e premir a tecla **Delete** no teclado, ou clique com o botão direito do rato e seleccione **«Remover objecto»** no menu de contexto. Com isso, a calibragem é salva.

Para desactivar a ferramenta **«Calibração»** seleccione a novamente no menu principal **«Imagem»**. Com isso, a calibragem é salva.

A calibragem é considerada ao realizar as medições que dependem de dimensões retas. As medições feitas após a realização da calibragem são automaticamente corrigidas.

A calibragem é salva enquanto a janela com a imagem estiver aberta.

2.38 Coeficiente de difusão medido

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite mostrar para as séries com imagens difuso-balanceadas os mapas de parâmetros que indicam a difusão das moléculas de água.

Para ativar o modo de exibição dos mapas de parâmetros, clique no botão **«Coeficiente de difusão aparente (CDA)»** .

O modo está disponível para séries de estudos de ressonância magnética que contêm informações sobre o valor b (Diffusion sensitization factor).

Para definir o valor do coeficiente, clique na seta no botão e selecione o comando **«Definir fator de valores...»**.

Chapter 3

Reconstrução volumétrica

A definição de diagnósticos na janela de visualização da reconstrução volumétrica só é possível com base nas séries com as modalidades CT, MR, MG, XA

O DICOM Viewer suporta imagens de 16 bits. Se os dados de saída possuírem um tamanho maior, parte da informação é perdida

Para construir uma reconstrução volumétrica, é recomendado utilizar o aparato de visualização ou com a ajuda da tecnologia CUDA (preferencialmente) ou com a ajuda da tecnologia OpenCL. As configurações estão descritas na Seção 16.7.3.

Nos sistemas operacionais macOS versão 10.15 e mais recentes, é recomendado utilizar o aparelho de visualização com a ajuda do renderizador poligonal e de voxel Metal. As configurações estão descritas na Seção 16.7.3.

As tabelas de cores são destinadas a exibir os voxels, que possuem diferentes densidades, com diferentes cores para comodidade. As cores na tela não correspondem às reais.

3.1 Visualização de imagens

Para abrir uma análise na janela de reconstrução volumétrica, proceda da seguinte forma:

1. Carregue os exames no DICOM Viewer.
2. Destaque a análise desejada no painel de estudo.
3. Clique no botão **«Reconstrução volumétrica»** na barra de ferramentas. Para selecionar a opção necessária de disposição da aba (na janela atual, em janela distinta, no modo tela cheia), clique na seta do lado direito do botão. Para abrir a janela de reconstrução volumétrica em uma nova aba na janela atual, clique na parte esquerda do botão. O processo pode demorar algum tempo.

A janela de reconstrução volumétrica é mostrada na Fig. 3.1.

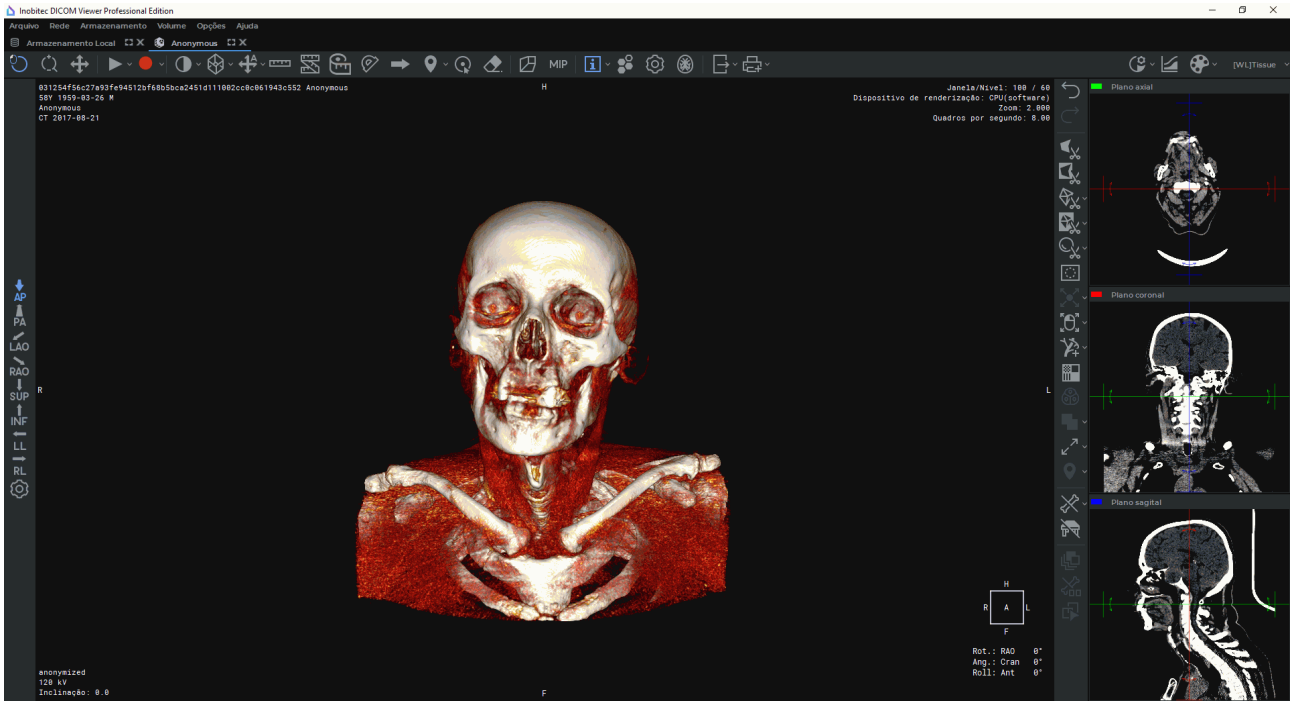


Figure 3.1: Janela «Reconstrução volumétrica»

O lado esquerdo contém a reconstrução volumétrica do tecido. No lado direito, há um painel com as ferramentas de edição de volume e da janela de visualização das seções com os planos, axial frontal e sagital. O trabalho com eles é realizado no modo cursor 3D, descrito na Seção 5.5.1.

Para mover o cursor nas janelas MPR para o ponto no modelo, ative a ferramenta **«Selecionar o ponto de modelo»** e clique para selecionar o ponto desejado. Para desativar a ferramenta, pressione novamente o botão . Leia mais sobre a configuração e gestão da ferramenta **«Selecionar o ponto de modelo»** na Seção 3.5.

A ferramenta também está disponível na seção **«Volume»** do menu principal.

3.2 Projeção do modelo

O DICOM Viewer permite que o modelo seja exibido em projeções de perspectiva e em paralelo Dependendo de qual projeção é selecionada, o botão da ferramenta tem uma aparência diferente:

	«Passar para a projeção paralela». Neste momento, está selecionada a projeção de perspectiva (por padrão). A projeção de perspectiva mostra de maneira mais realista o modelo volumétrico na visualização. As linhas paralelas e densidades convergem no ponto (centro da projeção), disposto na linha do horizonte (Fig. 3.3)

	«Passar para a projeção perspectiva». Neste momento, está selecionada a projeção em paralelo. Modo de perspectiva desabilitado. As linhas paralelas são mostradas paralelamente aos planos, e o centro da projeção do modelo volumétrico no infinito (Fig. 3.2)

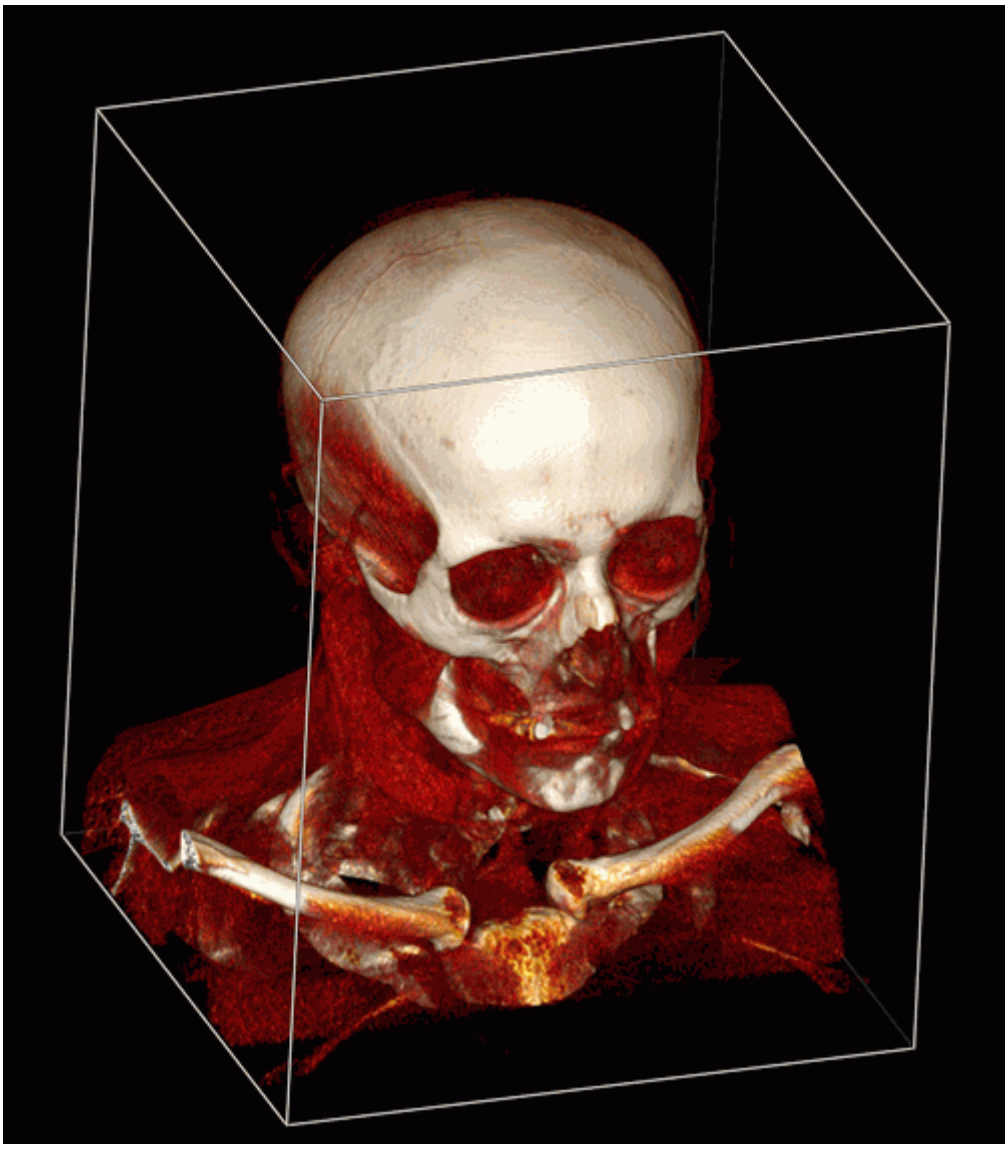


Figure 3.2: Projeção paralela de um modelo volumétrico. A ferramenta «Caixa de Corte» está ativada para maior clareza

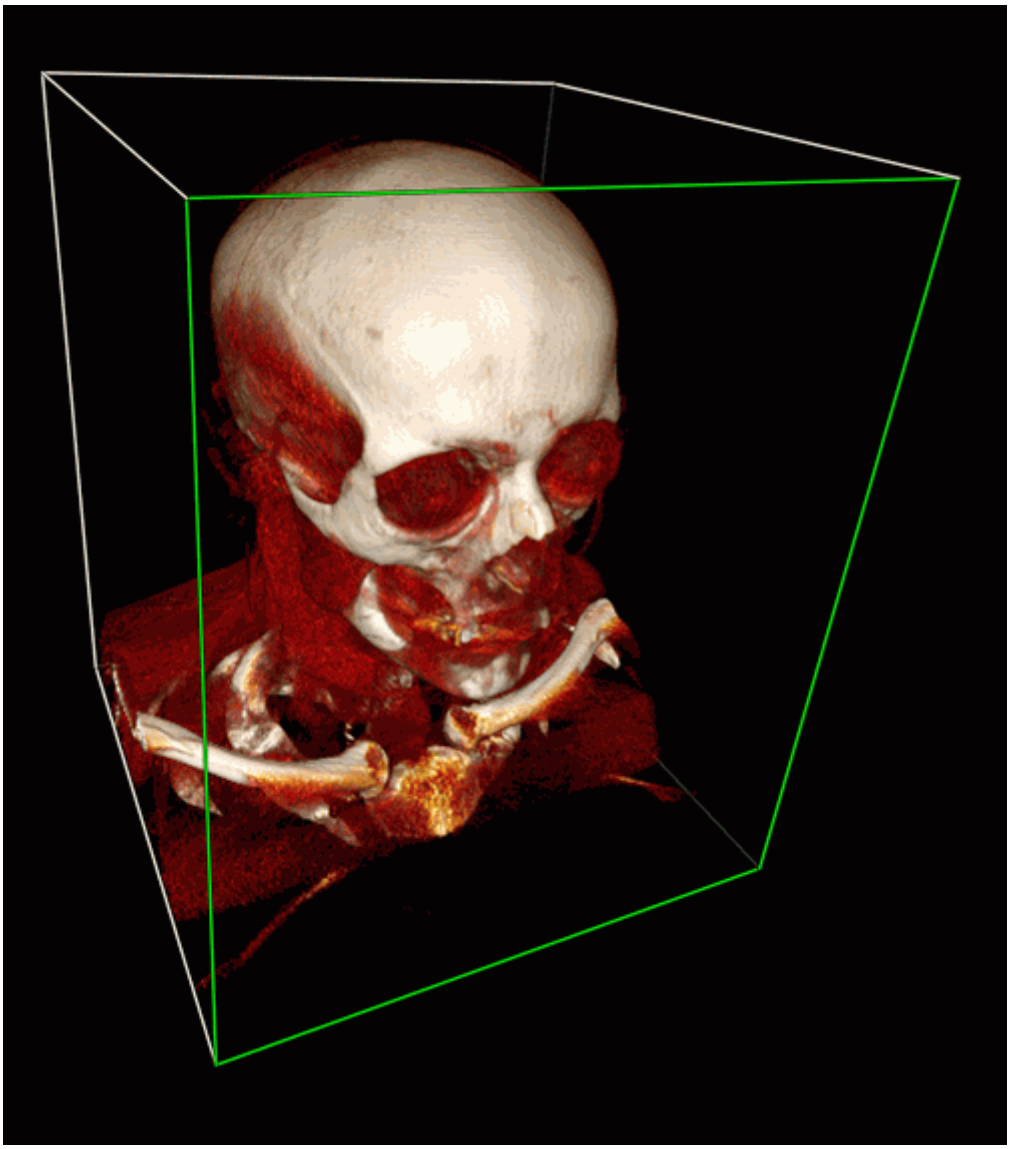


Figure 3.3: Projeção em perspectiva do modelo volumétrico

A ferramenta **«Cubo de visibilidade»** é descrita em detalhes na Seção 3.10.

3.3 Ações com o modelo

O DICOM Viewer permite fazer o seguinte com o modelo:

- Deslocar horizontalmente. É realizada pressionando as teclas de cursor no teclado ← e → usando a ferramenta **«Deslocar»** (descrita na Seção 3.4.1).
- Ampliação da imagem volumétrica. É realizada movendo a roda do mouse, pressionando as teclas ↓ e ↑ no teclado e utilizando a ferramenta **«Zoom»** (descrita na Seção 3.4.3).

- Rotação. É realizada com a movimentação do mouse com a roda pressionada e com a ferramenta **«Girar»** (descrita na Seção 3.4.2).

Na parte esquerda da janela, está localizado o painel de orientações espaciais padrão do modelo (Fig. 3.4). Para alternar rapidamente para uma determinada orientação espacial do modelo, clique no botão correspondente no painel. Para abrir opções adicionais de orientação para os botões **«LAO»** e **«RAO»**, clique na seta do botão. A ação dos botões do painel aplica-se somente à janela em que o painel está localizado.

Para definir os ângulos de orientação manualmente, clique no botão **«Definir ângulos de orientação»** (para mais detalhes, consulte a Seção 3.3.1).

Figure 3.4: Botões de seleção da orientação espacial do modelo

O painel com botões para orientações do modelo espacial (Fig. 3.4) está disponível nas janelas **«Reconstrução volumétrica»** e **«Visualização 3D»** nas abas **«Reconstrução MPR»**, **«Análise de vasos»** e **«Análise das artérias coronárias»**. A configuração de visibilidade do painel de orientações espaciais padrão do modelo é realizada na aba **«Interface do usuário»** nas configurações dos módulos **«Reconstrução 3D»** e **«Análise de vasos»** (ver seções 16.7.3 e 16.7.4).

3.3.1 Definição dos ângulos de orientação do modelo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para definir os ângulos de orientação manualmente, clique no botão **«Definir ângulos de orientação»** no painel de orientações espaciais padrão do modelo, na parte esquerda da janela. Será aberta a caixa de diálogo de definição dos ângulos de orientação (Fig. 3.5).

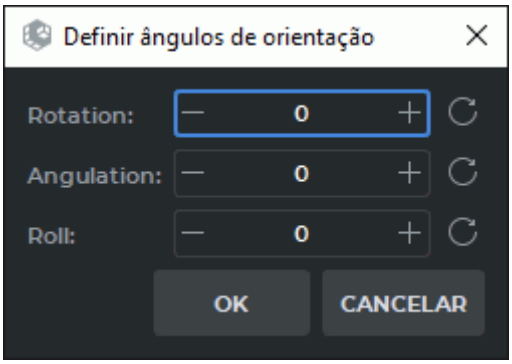


Figure 3.5: Caixa de diálogo de definição dos ângulos de orientação do modelo

Na caixa de diálogo de definição dos ângulos de orientação (Fig. 3.5), defina os valores dos ângulos nos campos **«Rotation»**, **«Angulation»** e **«Roll»**. Os valores dos ângulos devem ser especificados somente em graus inteiros.

Ao inserir os valores, considere as seguintes particularidades:

- os campos **«Rotation»** e **«Roll»** são cíclicos. Depois do valor **180°**, segue-se **-179°**; antes do valor **-179°**, vem **180°**;
- ao lado de cada campo há um botão **«Redefinir ângulo»** , que redefine o valor do ângulo correspondente para **0**;
- as alterações dos ângulos são aplicadas imediatamente após a inserção de um novo valor;
- ao clicar no botão **«CANCELAR»**, são restaurados os valores dos ângulos que estavam definidos antes da abertura da caixa de diálogo.

Quando o valor do ângulo **«Angulation»** atinge **+90°** ou **-90°**, o valor de **«Roll»** é redefinido automaticamente para **0** e fica indisponível para edição. O valor de **«Roll»** é transferido para **«Rotation»** pela fórmula **Rotation** = **Rotation** + **Roll**.

Os valores dos ângulos são exibidos no canto inferior direito da janela com o modelo volumétrico (para mais detalhes, consulte a Seção 3.3.2).

Ao transferir os ângulos para o angiógrafo, a projeção resultante pode diferir da projeção no DICOM Viewer, se tiver sido usado outro centro de rotação do modelo.

Se o valor de «Roll» não for zero, a projeção no angiógrafo pode não corresponder à projeção no DICOM Viewer, pois o angiógrafo geralmente não oferece suporte ao terceiro eixo de rotação.

3.3.2 Exibição dos ângulos de orientação do modelo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite exibir os ângulos de orientação do modelo volumétrico. A funcionalidade destina-se à avaliação da orientação espacial atual do modelo e à rápida alternância para uma projeção especificada.

Para exibir ou ocultar os ângulos, clique na seta ao lado do botão **«Mostrar rótulos»** e marque ou desmarque a caixa de seleção **«Mostrar ângulos de orientação»**. Por padrão, a exibição dos ângulos de orientação está desativada.

Os valores dos ângulos são exibidos no canto inferior direito da janela com o modelo volumétrico. Os ângulos são exibidos com precisão de graus inteiros.

Os ângulos correspondem à seguinte ordem de rotações:

- **«Rotation»** — rotação em torno do eixo **Z**;
- **«Angulation»** — rotação em torno do eixo **X**;
- **«Roll»** — rotação em torno do eixo **Y**.

A ordem de rotação corresponde aos ângulos de Euler **ZXY**. A posição AP (vista frontal) corresponde aos valores **Rotation** = **0**, **Angulation** = **0**, **Roll** = **0**.

Os ângulos são exibidos no seguinte formato:

- **Rot.: RAO X°** ou **Rot.: LAO X°**. No valor zero, é exibido **Rot.: RAO 0°**;
- **Ang.: Cran X°** ou **Ang.: Caud X°**. No valor zero, é exibido **Ang.: Cran 0°**;
- **Roll: Ant X°** ou **Roll: Post X°**. No valor zero, é exibido **Roll: Ant 0°**.

3.4 Ferramentas de posicionamento de modelos

3.4.1 Ferramenta «Deslocar»

O modelo pode ser movido na janela de reconstrução de volume de duas maneiras:

1. Mova o mouse com a roda pressionada, segurando a tecla **«Shift»** no teclado. Essa combinação de teclas é definida por padrão. É possível desabilitar ou alterar o vínculo na aba **«Controle 3D»** do módulo **«Reconstrução 3D»** (ver Seção 16.7.3).
2. Ative a ferramenta **«Deslocar»** pressionando com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para continuar usando a ferramenta, utilize o botão com o qual a ferramenta foi habilitada. Mais detalhes sobre a gestão de ferramentas na Seção 1.14. Para mover o modelo, mova o cursor pela tela, segurando o botão do mouse.

A ferramenta também está disponível no menu de contexto da janela de **«Reconstrução volumétrica»**.

Para mover o modelo na tela sensível ao toque usando gestos, consulte a Seção 1.15.

3.4.2 Ferramenta «Girar»

A ativação/desativação da ferramenta ocorre pressionando o botão **«Girar»** no painel da ferramenta com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Por padrão, a ferramente é ativa. Para continuar trabalhando, utilize o mesmo botão usado para ativá-la. Mais informações sobre a gestão de ferramentas na Seção 1.14.

enha em mente que o ponto inicial da movimentação do mouse não influencia na rotação. Se o cursor mover-se verticalmente, a imagem rotaciona em volta do eixo horizontal. Se o cursor se movimenta horizontalmente, a imagem rotaciona ao redor do eixo vertical. Ou seja, a imagem segue o cursor. Se o curosor se move em uma linha inclinada, a imagem se inclina nessa mesma direção.

A ferramenta também está disponível no menu de contexto da imagem na seção **«Volume»** do menu principal. A ativação só é possível com o botão esquerdo do mouse.

Para girar o modelo na tela sensível ao toque usando gestos, consulte a Seção 1.15.

3.4.3 Ferramenta «Zoom»

A ferramenta permite alterar a escala do modelo com o mouse com o botão pressionado. Mover o cursor para cima leva ao aumento da escala, e para baixo, à diminuição.

A ativação/desativação da ferramenta ocorre com o clique no botão **«Zoom»** na barra de ferramentas com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para continuar trabalhando com a ferramenta, utilize o mesmo botão usado para ativá-la. Mais detalhes sobre a gestão de ferramentas na Seção 1.14.

A ferramenta está disponível também no menu de contexto da imagem e na seção **«Volume»** do menu principal. A ativação só é possível com o botão esquerdo do mouse.

A alteração da escala do modelo na tela sensível ao toque usando gestos é descrita na Seção 1.15.

3.5 Ferramenta «Selecionar o ponto de modelo»

A ferramenta **«Selecionar o ponto de modelo»** está disponível na barra de ferramentas nas abas **«Reconstrução volumétrica»** e **«Reconstrução MPR»**. Na aba **«Reconstrução MPR»** a ferramenta fica disponível após a habilitação do modo **«Visualização 3D»**. Na aba **«Reconstrução volumétrica»**, a ferramenta também está disponível na seção **«Volume»** do menu principal.

Ative a ferramenta **«Selecionar o ponto de modelo»** com o botão esquerdo, direito, ou do meio do mouse. Para usar a ferramente, utilize o mesmo botão usado para ativá-la. Mais detalhes sobre a gestão de ferramentas na Seção 1.14.

Coloque o cursor sobre o modelo volumétrico e defina um ponto. O ponto de interseção dos planos das seções nas janelas de reconstrução MPR são sobrepostos no modelo

volumétrico definido do ponto. O ponto definido no modelo é utilizado como ponto inicial ao realizar medições ou editar o volume do modelo.

Atenção! Para definir o ponto com maior precisão no modelo volumétrico, defina o valor correto do limite de opacidade nas configurações da ferramenta «Configurações de renderização» (ver Seção 3.14).

3.6 Ferramenta «Executar»

O DICOM Viewer permite rotacionar automaticamente o modelo volumétrico em torno de três eixos ortogonais em relação ao centro. O centro do modelo pode ser alterado com a ferramente **«Centralizar»** (Seção 3.9). Para configurar a replicação. Clique na seta no botão **«Executar»** ▶ e defina os parâmetros necessários no menu do botão.

1. Se a série contiver várias fases, o DICOM Viewer permite acessar a rotação do modelo e reproduzir as fases. Para acessar o menu do botão **«Executar»** ▶ , selecione **«Rotação de volume»** ou **«Executar fases»**. O item selecionado é marcado com um marcador. No menu estão disponíveis apenas os itens adequados para a série dada.

2. Selecione a velocidade de reprodução desejada (5, 10, 20, 25 quadros por segundo, apenas para a reprodução de fases). Se quiser definir uma velocidade diferente, selecione o comando **«Usuário definido...»** e no diálogo que aparecer, insira um valor entre 1 e 100. A velocidade selecionada é destacada com um marcador.

3. Para reproduzir as fases ciclicamente, selecione o comando **«Repetir»**. O comando é marcado com um marcador. Para desativar a reprodução cíclica, novamente selecione esse comando. O marcador é retirado.

4. Para selecionar os eixos de rotação do modelo, selecione o comando **«Configurações...»**, na janela de diálogo que aparecer, selecione o eixo necessário da lista pendente **«Eixo»** e clique em **«OK»** para utilizar a configuração ou **«CANCELAR»** para cancelar.

5. Para ajustar a velocidade de rotação do modelo, selecione o comando **«Configurações...»**, na janela de diálogo que aparecer, insira o valor no campo **«Graus por segundo»** e clique em **«OK»** para utilizar a configuração ou **«CANCELAR»**.

Para reproduzir, pressione o lado esquerdo do botão ▶ na barra de ferramentas. O botão muda para ▌▌ . Para concluir a reprodução, clique na parte esquerda do botão ▌▌ .

3.7 Gravação de vídeo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite gravar vídeo para a janela de visualização volumétrica Do modelo. No vídeo são gravados:

- imagens de tecidos do volume principal e estruturas segmentadas;
- medidas;
- anotações;
- indicadores;
- cubo de visibilidade;
- marcadores;
- cubo de orientação;
- marcador da ferramenta **«Selecionar o ponto de modelo»**.

No mais, o funcionamento da ferramenta é semelhante ao descrito na Seção 2.15.

3.8 Ferramentas de corte

No painel de ferramentas lateral estão dispostas as ferramentas volumétricas. Se o volume de saída for alterado, a ferramenta **«Desfazer»** fica ativa.

3.8.1 Ferrament «Corte polígono»

A ferramenta permite construir um polígono ou uma forma com limites suaves, À qual se projeta a área de corte. A ferramenta é ativada/desativada com o botão na barra de ferramentas.

Para desenhar uma área de corte poligonal, proceda da seguinte forma:

1. Ative a ferramenta **«Corte polígono»** com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para trabalhar, utilize o mesmo botão usado para ativá-la. Mais detalhes sobre a gestão de ferramentas na Seção 1.14.
2. Clique para definir os vértices do polígono que delimita a figura a ser recortada, exceto o último ponto.
3. Coloque o último ponto com um duplo clique.
4. Para cancelar um desenho incompleto, pressione a tecla **Esc** no teclado.

Para desenhar uma área recortada com limites suaves (modo «Lasso») execute o seguinte:

1. Ative a ferramenta **«Corte polígono»** com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para trabalhar, utilize o mesmo botão usado para ativá-la. Mais detalhes sobre a gestão de ferramentas na Seção 1.14.
2. Pressione e mantenha a tecla **Shift** no teclado.
3. Segurando o botão do mouse, desenha a área a ser recortada.
4. Para completar o desenho, solte o botão do mouse ou pressione outro botão.
5. Para cancelar um desenho incompleto, pressione a tecla **Esc** no teclado.

A parte do modelo que é projetada sobre a área construída é recortada.

3.8.2 Ferramenta «Corte polígono invertido»

A ferramenta é semelhante à ferramenta **«Corte polígono»**, mas é recortada a parte do modelo não selecionada pelo polígono. A ferramenta é ativada/desativada com o botão na barra de ferramentas.

3.8.3 Ferramenta «Cortar objeto»

Permite apagar uma área individual do modelo volumétrico que não está associada a outras partes. Para ativar/desativar a ferramenta, pressione o botão na barra de ferramentas com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para trabalhar, utilize o mesmo botão utilizado para ativá-la. Leia mais sobre a gestão de ferramentas na Seção 1.14.

3.8.4 Ferramenta «Cortar tudo exceto objeto»

Semelhante ao anterior, exceto que todas as áreas com excepção da selecionada são apagadas. A ferramenta é ativada/desativada com o botão na barra de ferramentas.

3.8.5 Parâmetros de ferramentas de corte

Para as ferramentas **«Cortar objeto»** e **«Cortar tudo exceto objeto»**, são definidos os seguintes parâmetros:

1. **Crescer de superfície (mm)**. Juntamente com a área removida, os tecidos ao seu redor são removidos. Este parâmetro define a distância da superfície da área a ser removida, na qual os tecidos serão removidos. Um valor de zero pode fazer com que a superfície do modelo pareça áspera, portanto, use um valor de zero somente quando necessário.
2. **Espessura de objeto mínima (mm)**. Se o valor do parâmetro for maiorque zero, os tecidos com espessura menor que o valor especificado serão ignorados ao excluir.

Os parâmetros para cada ferramenta são definidos separadamente.

Para definir esses parâmetros, clique na seta no botão da ferramenta correspondente e selecione o item **«Parâmetros...»** e na caixa de diálogo que se abre, marque os valores necessários.

3.8.6 Ferramentas de edição do volume do pincel

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

As ferramentas **«Cortar»**, **«Restaurar»** e **«Restaurar por máscara»** permitem retirar parte dos tecidos delimitados por uma esfera ou um cilindro, restaurar o tecido removido com qualquer ferramenta.

As ferramentas de **«Abertura com pincel»** e **«Fechamento com pincel»** são utilizadas para alisar os tecidos e remover os espaços vazios nos tecidos do modelo.

As ferramentas de edição do volume do pincel estão agrupadas num botão. Para selecionar uma ferramenta, clique na seta no botão de seleção de ferramentas. Dependendo da ferramenta selecionada, o botão de seleção tem uma aparência diferente:

	«Cortar» (selecionada por padrão)
	«Restaurar»
	Abertura com pincel
	Fechamento com pincel
	«Restaurar por máscara»

O modo de operação da ferramenta (**«Esfera»** ou **«Cilindro»**) é selecionado no menu de ferramentas. Para abri-lo, clique na seta no botão da ferramenta correspondente. Todas as ferramentas de edição de volume estão definidas para o mesmo modo de pincel.

Dependendo do modo selecionado («Esfera» ou «Cilindro»), o cursor temuma aparência diferente. A Fig. 3.6 mostra o cursor para o modo **«Esfera»**, na Fig. 3.7 — **«Cilindro»**.

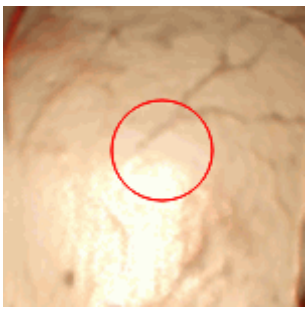


Figure 3.6: Cursor para o modo **«Esfera»**

Figure 3.7: Cursor para o modo **«Cilindro»**

Caso queira ativar ou desativar uma ferramenta que já esteja selecionada, basta clicar no lado esquerdo do botão de seleção de ferramenta. Caso alguma ferramenta esteja acionada, o botão fica em destaque.

Para cortar tecidos, siga estas etapas:

1. Ative a ferramenta **«Cortar»** na barra de ferramentas com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para trabalhar com a ferramenta, use o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Consulte a Seção 1.14.

2. Selecione um modo de ferramenta no menu.

3. Marque o diâmetro da ferramenta movendo o mouse enquanto mantém pressionada a tecla **Alt** (ou a tecla **Option** para o macOS) no teclado. Para as ferramentas **«Cortar»**, **«Restaurar»**, **«Abertura com pincel»** e **«Fechamento com pincel»** o mesmo valor de diâmetro é definido.

4. Se estiver usando o modo **«Cilindro»**, marque a altura para ele, se necessário. Para isso, clique na seta no botão da ferramenta e selecione **«Opções de cilindro...»**. Na janela que se abre, marque a altura da ferramenta de corte.

5. Clique com o mouse onde deseja cortar o tecido. Parte do tecido será cortada. O ponto verde mostra onde o círculo grande da esfera (a base do cilindro) toca a superfície do modelo. O círculo grande passa pelo centro da esfera e é paralelo ao plano da tela.

6. Repita os passos 3 e 5 conforme necessário.

Ferramenta **«Restaurar»** permite realizar o processo inverso ao corte.

A ferramenta de **«Abertura com pincel»** é utilizada para remover elementos aleatórios (ruído) e tecidos lisos em partes do modelo. Representa a aplicação sequencial de erosão e dilatação num volume limitado pelo instrumento.

A ferramenta **«Fechamento com pincel»** é utilizada para remover pequenos espaços vazios no volume do modelo. É uma aplicação sequencial de dilatação e erosão no volume limitado pela ferramenta, limitado pela ferramenta.

Para definir o raio de uma operação de abertura ou fecho de um pincel morfológico, clique na seta do lado direito do botão da ferramenta **«Morphological operation radius...»** Na caixa de diálogo que se abre, especifique o raio da operação em milímetros ou voxels. Para as

ferramentas **«Abertura com pincel»** e **«Fechamento com pincel»**, pode definir o mesmo valor do raio da operação morfológica.

A ferramenta **«Restaurar por máscara»** , permite restaurar o tecido dentro da máscara (usado para segmentação). A configuração da máscara é descrita na Seção 6.2.4.

3.8.7 Ferramentas de Edição Inteligente de Volume

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

As ferramentas **«Crescer (dilatação)»** **«Reduzir (erosão)»**, **«Remover ruído (abertura)»**, **«Remover furos (fechamento)»**, **«Preencher»** e **«Cortar volume invisível»** permitem editar um modelo 3D. A ferramenta **«Crescimento de múltiplos segmentos (Diagrama de Voronoi)»** destina-se à edição de estruturas segmentadas. Para selecionar uma ferramenta, clique na seta no botão de seleção de ferramentas. Dependendo de qual ferramenta é selecionada, o botão tem uma aparência diferente:

	«Crescer (dilatação)» (selecionado por padrão)
	«Reduzir (erosão)»
	«Remover ruído (abertura)»
	«Remover furos (fechamento)»
	«Crescimento de múltiplos segmentos (Diagrama de Voronoi)»
	«Preencher»
	«Cortar volume invisível»

A ferramenta **«Crescer (dilatação)»** permite aumentar o volume em uma certa quantidade da superfície em 1 iteração. Este valor é definido no menu **«Configurações»** desta ferramenta (parâmetro **«Raio de crescimento»**). A ampliação só é possível dentro do volume original, por exemplo, após o uso das ferramentas de corte. Ao usar a ferramenta de edição de estrutura segmentada, o zoom só é possível dentro da máscara. A ferramenta é usada para ajustar a estrutura se o volume necessário não for obtido inicialmente.

A ferramenta **«Reduzir (erosão)»** faz o oposto. A quantidade de redução é definida pelo parâmetro **«Raio de erosão»**.

A ferramenta **«Remover ruído (abertura)»** permite remover elementos de volume aleatórios. Equivale ao uso sequencial das ferramentas **«Reduzir (erosão)»** e **«Crescer (dilatação)»**.

A ferramenta **«Remover furos (fechamento)»** permite remover pequenos vazios em um volume. Equivale à aplicação sequencial das ferramentas **«Crescer (dilatação)»** e **«Reduzir (erosão)»**.

Cada vez que as ferramentas **«Crescer (dilatação)»**, **«Reduzir (erosão)»**, **«Remover ruído (abertura)»** e **«Remover furos (fechamento)»** são usadas , uma caixa de diálogo é exibida (Fig. 3.8), em que é necessário definir o raio da operação em milímetros ou voxels.

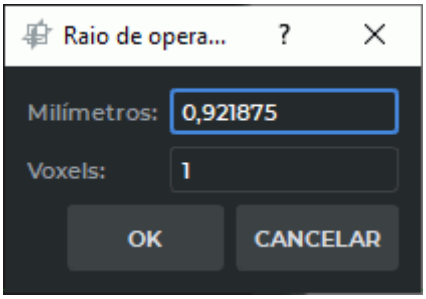


Figure 3.8: Diálogo «Raio de operação»

A ferramenta **«Crescimento de múltiplos segmentos (Diagrama de Voronoi)»** permite aumentar várias estruturas e o volume de base ao mesmo tempo. É usada para editar estruturas segmentadas (mais detalhes na Seção 6.8.6). Se a ferramenta for aplicada apenas no volume base, ela funcionará como a ferramenta **«Crescer (dilatação)»**.

A ferramenta **«Preencher»** permite preencher vazios em um volume. Ao trabalhar com estruturas segmentadas, a ferramenta é utilizada para melhorar as estruturas construídas sobre uma máscara «granulada». Essas máscaras são típicas, por exemplo, para os rins.

A ferramenta **«Cortar volume invisível»** define a máscara de acordo com o volume visível. No modelo de volume, os voxels que não são apresentados para a tabela de cores selecionada ou para os valores definidos de largura e nível da janela (W/L) são eliminados. Se alterar a tabela de cores selecionada ou definir os valores de largura e nível da janela (W/L). Se alterar a tabela de cores ou a largura da janela e o nível (W/L) Os voxels apagados não são restaurados. A ferramenta **«Cortar volume invisível»** está disponível na secção **«Reconstrução volumétrica»** e na janela **«Visualização 3D»** do separador **«Reconstrução MPR»**.

3.8.8 Ferramenta «Remover mesa»

Permite deletar partes da imagem que o programa reconhece como a mesa de equipamentos médicos. Para excluir uma mesa, clique no botão na barra de ferramentas.

Exclusões incorretas de objetos reconhecidos como uma mesa de equipamentos médicos são possíveis

Para desfazer as últimas ações e refazer as ações desfeitas associadas aocorte, são fornecidas as ferramentas **«Desfazer»** e **«Refazer»** .

3.9 Centralização

A ferramenta permite definir o ponto central do modelo, ou seja, o ponto em torno do qual o modelo gira e dimensiona. Tal necessidade pode surgir após alterações feitas com as ferramentas de corte. A ferramenta possui dois modos: automático e interativo (manual). Para alternar o modo, clique na seta no botão **«Centralizar»** na barra de ferramentas e selecione o modo desejado. O modo atual é marcado com uma marca de seleção.

A centralização é feita no espaço. Nesse caso, a centralização de profundidade pode ser desativada. Para ativar/desativar a centralização de profundidade, clique na seta à direita do **«Centralizar»** e selecione a opção **«Centralizar profundidade»**. Se a centralização de profundidade estiver habilitada, o comando será sinalizado. A centralização em um plano paralelo ao plano da tela é sempre realizada.

Para ativar a ferramenta, clique no lado esquerdo do botão **«Centralizar»** . Se o modo automático for selecionado, a centralização será realizada imediatamente depois de ativar a ferramenta. Se o modo interativo for selecionado, o cursor muda para uma cruz quando a ferramenta é ativada. A ferramenta no modo interativo é ativada pelo botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para trabalhar com a ferramenta, use o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Consulte a Seção 1.14. Marque o ponto central clicando nele com o botão do mouse.

Para centrar o modelo sem ligar a ferramenta, utilize a combinação **Alt + médio do rato**. Mantenha premida a tecla **Alt** (ou a tecla **Option** para o macOS) no teclado, clique no botão do meio do rato. Clicando no ponto selecionado do modelo, o modelo visível é centrado em relação a esse ponte. Se clicar numa área fora do modelo, esta é centrada em relação ao centro do modelo visível.

3.10 Caixa de Corte

O cubo de visibilidade permite cortar o tecido que está fora do cubo. Para construir um cubo, clique no lado esquerdo do botão **«Caixa de Corte»** na barra de ferramentas com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para trabalhar com a ferramenta, use o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Consulte a Seção 1.14.

Para construir um cubo mínimo que não recorte o modelo, clique na seta no botão **«Caixa de Corte»** e selecione o comando **«Ajustar para modelo»**.

Para construir um cubo usando as bordas da imagem, clique na seta no botão **«Caixa de Corte»** e selecione o comando **«Redefinir caixa de corte»**.

Para cortar uma parte dos tecidos, é necessário mover a face do cubo de forma que ela interceda o modelo 3D. Para fazer isso, mova o cursor sobre a face do cubo para que suas bordas fiquem destacadas em verde (Fig. 3.9).

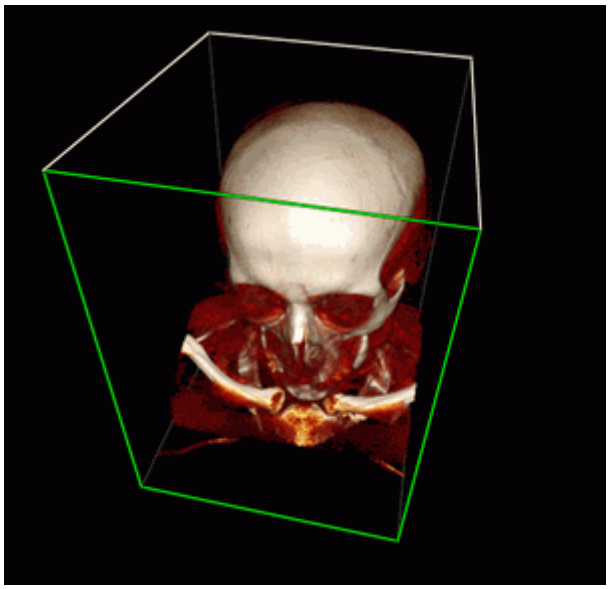


Figure 3.9: Editando o caixa de corte. A face ativa é destacada em verde e está pronta para ser movida.

Depois disso, a face é movida pelo mouse com o botão esquerdo pressionado. Você pode mover apenas as faces do cubo que estão em primeiro plano (elas estão circuladas em branco). As faces que não estão disponíveis para movimentação são circuladas em cinza. Para trabalhar com as faces atualmente inacessíveis, a imagem deve ser girada. O cubo gira em sincronia com a imagem.

Para o dimensionamento simétrico do cubo em relação ao modelo, mova o mouse enquanto mantém pressionado o botão com o qual a ferramenta foi ativada enquanto mantém pressionada a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS).

Para mover o cubo em relação ao modelo, mova o mouse enquanto mantém pressionado o botão com o qual a ferramenta foi ativada enquanto mantém pressionada a tecla **Shift**.

Para girar o cubo em relação ao modelo, mova o mouse enquanto pressiona o botão com o qual a ferramenta foi ativada enquanto mantém pressionada a tecla **Alt** (ou a tecla **Option** para o macOS).

Se você desativar a ferramenta **«Caixa de Corte»**, os recortes feitos com ela serão salvos. Para retornar o modelo à sua aparência original, use um dos seguintes métodos:

1. Ative a ferramenta **«Caixa de Corte»** e mova as faces para que o modelo fique visível.

2. Clique na seta do lado direito do botão **«Caixa de Corte»** e selecione qualquer uma das opções de construção. Se a ferramenta **«Caixa de Corte»** não estiver ativada, o cubo não ficará visível, mas o recorte ainda será redefinido.

A ferramenta está disponível na seção **«Volume»** do menu principal.

3.11 Medidas

A ferramenta permite realizar medições lineares e semilineares de distâncias na imagem.

As medições são feitas para o pixel da tela mais próximo. Como o tamanho do pixel da tela é menor que o tamanho do pixel da imagem original, o erro de medição linear real é o mesmo que o valor do pixel da imagem original. As medições de densidade também têm um erro. O menor erro na medição de densidades é dado por interpolação bilinear (Seção 2.5).

3.11.1 Medições lineares

Para realizar medições lineares, faça o seguinte:

1. Ative a ferramenta de **«Régua»**, pressionando o botão na barra de ferramentas com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para trabalhar com a ferramenta, use o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Consulte a Seção 1.14.

2. A distância pode ser medida de duas maneiras:

   - marque o primeiro ponto com o botão do mouse. Mova o cursor do mouse pela tela. A distância da origem ao ponto atual é exibida ao lado da linha. Para fixar o ponto atual, clique com o botão do mouse;
   - clique com o botão do mouse no ponto inicial da medição e, mantendo o botão do mouse pressionado, mova o cursor para o ponto final. Ao lado da linha, é exibida a distância do ponto inicial até a posição atual do cursor. Solte o botão do mouse para fixar o ponto final da medição.

3. Para cancelar uma medição incompleta, pressione a tecla **Esc** no teclado.

Para mover os limites de uma medição linear, faça o seguinte:

1. Mova o cursor para o ponto que deseja mover para que o cursor se torne .

2. Mantenha pressionado o botão esquerdo do mouse ou o botão com o qual a ferramenta está ativada no momento e mova o ponto.

3. Solte o botão do mouse.

Para excluir uma cota linear, faça o seguinte:

1. Mova o cursor para a linha que deseja excluir para que o cursor se torne .

2. Premir a tecla **Delete** no teclado ou clicar com o botão direito do rato e selecionar **«Remover régua»** no menu de contexto.

A ferramenta também está disponível no menu de contexto do modelo e na seção **«Volume»** do menu principal. A ativação só é possível com o botão esquerdo do mouse.

3.11.2 Régua poligonal

Para realizar medições lineares por partes, faça o seguinte:

1. Ative a ferramenta **«Régua poligonal»**, pressionando o botão na barra de ferramentas com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para trabalhar com a ferramenta, use o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Consulte a Seção 1.14 para obter mais informações sobre o gerenciamento de ferramentas.
2. Marque o primeiro ponto com o botão do mouse.
3. Mova o cursor do mouse pela tela. A distância da origem ao ponto atual é exibida ao lado da linha.
4. Para fixar o ponto atual, clique com o botão do mouse.
5. Repita os passos 3 e 4 até definir o penúltimo ponto.
6. Coloque o último ponto clicando duas vezes com o botão do mouse.
7. Para cancelar uma medição incompleta, pressione a tecla **Esc** no teclado.

Para mover um ponto de medição linear, faça o seguinte:

1. Mova o cursor para o ponto que deseja mover para que o cursor se torne .
2. Mantenha pressionado o botão esquerdo do mouse ou o botão com o qual a ferramenta está ativada no momento e mova o ponto.

Para excluir um ponto, faça o seguinte:

1. Mova o cursor para o ponto que deseja excluir para que o cursor se torne .
2. Clique com o botão direito do mouse e selecione **«Remover ponto»**.

Para adicionar um ponto, faça o seguinte:

1. Passe o mouse sobre o local onde deseja adicionar um ponto para que o cursor se torne .
2. Clique com o botão direito do mouse e selecione **«Inserir ponto»**.

Para continuar uma medição semilinear concluída, faça o seguinte:

1. Mova o cursor para o ponto a partir do qual deseja retomar a medição para que o cursor se torne .
2. Clique com o botão direito do mouse e selecione **«Remover régua»**.
3. Faça uma medição semilinear.

Para eliminar uma medição, siga os passos abaixo:

1. Mova o cursor para a medida que deseja excluir para que o cursor se torne .
2. Premir a tecla **Delete** no teclado ou clicar com o botão direito do rato e selecionar **«Remover régua»** no menu de contexto.

A ferramenta também está disponível no menu de contexto do modelo e na seção **«Volume»** do menu principal. A ativação só é possível com o botão esquerdo do mouse.

3.11.3 Medições na superfície do volume visível

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A medição da distância ao longo da superfície do volume visível é realizada apenas na caixa da aba **«Reconstrução volumétrica»**.

Para medir a distância ao longo da superfície de um volume ou grade visível, faça o seguinte:

1. Ative a ferramenta **«Régua de superfície»** clicando no botão botão da barra de ferramentas com o botão esquerdo, direito ou do meio do rato. Para trabalhar com a ferramenta, use o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Consulte a Seção 1.14 para obter mais detalhes sobre o gerenciamento de ferramentas.
2. Marque o primeiro ponto com o botão do rato.

   O primeiro ponto pode ser atrasado porque o processo de vinculação do primeiro ponto à estrutura segmentada leva algum tempo.

3. Mova o cursor do rato pela tela. O número do próximo ponto é exibido ao lado do cursor.
4. Para fixar o ponto atual, clique com o botão do rato com o qual a ferramenta foi ativada.
5. Repita os passos 3 e 4 até definir o penúltimo ponto.
6. Coloque o último ponto clicando duas vezes com o botão do rato.

A trajetória que representa a medição é construída ao longo do caminho mais curto entre pontos na superfície de apenas uma estrutura segmentada. A distância ao longo da superfície da estrutura segmentada na qual o primeiro ponto da trajetória está localizado é medida.

A escolha da estrutura segmentada para colocar o primeiro ponto é baseada no valor parâmetro **«Projeção de ponto»** da ferramenta **«Configurações de renderização»**. Mais detalhes na Seção 3.14.

Se várias estruturas segmentadas forem criadas no projeto que satisfaçam os critérios para colocar o primeiro ponto, o ponto será colocado na estrutura localizada em primeiro plano. Existem várias maneiras de medir a distância ao longo da superfície da estrutura localizada no fundo:

- girar o modelo 3D para que não haja outras estruturas na frente da estrutura selecionada;

- desligue a visibilidade da estrutura em primeiro plano;
- alterar o valor de opacidade da estrutura em frente.

Se a construção falhar, o aviso **«Falha ao encontrar caminho»** é exibido e o percurso retorna para a última construção bem-sucedida. Ao passar o cursor, o caminho de medição é realçado e os números dos pontos são exibidos.

A medição de distância na superfície de uma malha importada ou copiada não está disponível.

As malhas importadas e copiadas são estruturas sem um modelo 3D. Quando você tenta medir em um importado ou malha copiada, uma caixa de diálogo de aviso é exibida.

Se o caminho de medição for construído na superfície de uma estrutura segmentada (volume ou grade principal), cuja visibilidade está desativada, ao tentar editar a trajetória de medição, é exibido um aviso sobre a invisibilidade da estrutura.

Na série mesclada, aberta na aba **«Reconstrução volumétrica»**, a distância ao longo da superfície da estrutura segmentada é medida de forma semelhante. O primeiro ponto de medição ao longo da superfície da estrutura é colocado na camada que está em primeiro plano. Para medir a distância ao longo da superfície da estrutura localizada na camada posterior, reduza a transparência das camadas do primeiro plano.

No menu de contexto da ferramenta **«Régua de superfície»** (Fig. 3.10), além dos comandos, são apresentadas informações sobre a camada e a estrutura segmentada sobre a qual é construída a trajetória de medição editada. Para chamar o menu de contexto da ferramenta, clique com o botão direito do rato em um ponto, linha de caminho ou texto que exiba o comprimento do caminho de medição.

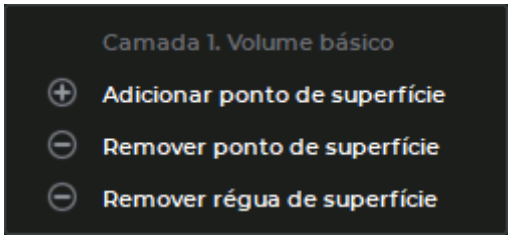


Figure 3.10: Menu de contexto da ferramenta «Régua de superfície»

Para mover o ponto do caminho de medição, faça o seguinte:

1. Mova o cursor para o ponto que deseja mover para que o cursor se torne .
2. Segurando o botão esquerdo do rato ou o botão que ativou a ferramenta, mova o ponto.

Para adicionar um ponto para continuar construindo o caminho de medição, faça o seguinte:

1. Coloque o cursor no ponto inicial ou final do caminho de medição para que o cursor mude para .
2. Clique com o botão direito do rato e selecione **«Adicionar ponto»** no menu de contexto.
3. Continue construindo o caminho de medição.

Para adicionar um novo ponto na trajetória entre os existentes, faça o seguinte:

1. Mova o cursor do rato sobre o caminho onde deseja adicionar um ponto, de modo que o cursor se torne .
2. Clique com o botão direito do rato e selecione **«Inserir ponto»** no menu de contexto.
3. Mova o cursor pela tela. Para fixar um novo ponto, clique com o botão do rato.

Para excluir um ponto, faça o seguinte:

1. Mova o cursor para o ponto que deseja excluir para que o cursor se torne .
2. Clique com o botão direito do rato e selecione **«Remover ponto»** no menu de contexto.

Excluir um ponto não faz com que todo o caminho de medição seja reconstruído. Apenas a seção entre os pontos vizinhos do remoto é reconstruída.

Para reconstruir um caminho de medição editado, mova o cursor do rato sobre o caminho ou sobre o texto que mostra o comprimento do caminho para que o cursor assumiu a forma . Clique com o botão direito do rato e selecione **«Recriar a régua inteira»** no menu de contexto.

A exclusão de uma dimensão é feita de várias maneiras:

1. Para excluir uma medição incompleta, pressione a tecla **Esc** no teclado.
2. Para excluir a medição selecionada, mova o cursor do rato sobre o caminho, ponto ou texto que mostra o comprimento do caminho para que o cursor mude para . Premir a tecla **Delete** no teclado ou clicar com o botão direito do rato e selecione **«Remover régua de superfície»** no menu de contexto.
3. Para apagar todos os objetos, pressione o botão **«Excluir todas as medidas»** ou selecione o item correspondente a partir do menu de contexto de imagem. No diálogo de confirmação que se abre, selecione **«SIM»** para eliminação ou **«NÃO»** para cancelar. Para evitar que este diálogo volte a aparecer e para que a eliminação ocorra automaticamente, marque o item **«Não mostrar mais este aviso»** e clique em **«SIM»**. Para que o diálogo volte a aparecer, defina nas configurações a opção **«Perguntar antes de excluir todas as anotações e medidas»** (Seção 16.7.1).

A ferramenta **«Régua de superfície»** também está disponível no menu de contexto do modelo e na seção **«Volume»** do menu principal. A ativação só é possível com o botão esquerdo do mouse.

3.11.4 Medição do ângulo espacial

Para medir um ângulo em um modelo 3D, faça o seguinte:

1. Ative a ferramenta **«Angulo 3D»** na barra de ferramentas com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para continuar trabalhando com a ferramenta, use o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Para mais informações sobre gerenciamento de ferramentas, consulte a Seção 1.14.

2. Coloque dois pontos no modelo pressionando o botão do mouse. O segundo ponto é o vértice do ângulo.

3. Ao mover o cursor do mouse pela tela, marque o segundo lado do ângulo.

4. Para corrigir o segundo lado do ângulo, clique com o botão do mouse.

5. Para cancelar uma medição incompleta, pressione a tecla **Esc** no teclado.

Para mover o ponto de medição do ângulo, faça o seguinte:

1. Mova o cursor para o ponto que deseja mover para que o cursor assumiu a forma .

2. Mantenha pressionado o botão esquerdo do mouse ou o botão com o qual a ferramenta está ativada no momento e mova o ponto.

Para excluir uma medição de ângulo, faça o seguinte:

1. Mova o cursor para a linha da medição do ângulo a ser excluída para que o cursor assumiu a forma .

2. Premir a tecla **Delete** no teclado ou clicar com o botão direito do mouse e selecione **«Remover medição angular»**.

A ferramenta também está disponível no menu de contexto do modelo e na seção **«Volume»** do menu principal. A ativação só é possível com o botão esquerdo do mouse.

3.11.5 Ferramenta «Ícone da seta»

Ferramenta **«Ícone da seta»** é destinada para a criação, na aba **«Reconstrução volumétrica»**, de uma anotação gráfica na forma de seta vinculada a um ponto específico do modelo volumétrico.

Para criar um ponteiro dirigido a um ponto no modelo volumétrico, siga estes passos:

1. Ative a ferramenta **«Ícone da seta»** na barra de ferramentas com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para continuar trabalhando com a ferramenta, use o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Para mais informações sobre gerenciamento de ferramentas, consulte a Seção 1.14.

2. Um ponteiro em um modelo volumétrico pode ser construído de duas maneiras:

   - pressione o botão do mouse onde a seta deve apontar e enquanto mantém o botão do mouse pressionado, mova o cursor para o ponto em que a extremidade oposta da seta deve estar. Para fixar o ponto, solte o botão do mouse.
   - clique com o botão do mouse onde a seta deve apontar. Clique com o mouse onde o ponto oposto da seta deve estar.

3. Para cancelar um desenho incompleto, pressione a tecla **Esc** no teclado.

Na parte visível do modelo volumétrico, a seta do ponteiro é exibida na íntegra (seta vermelha na Fig. 3.11). Se o ponteiro está oculto por detrás do modelo, a seta é exibida de forma compacta (marcadores verdes na Fig. 3.11).

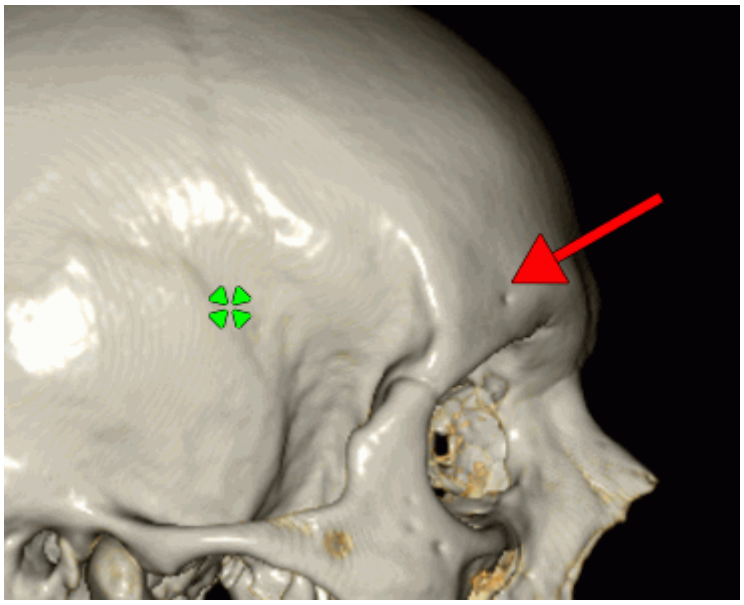


Figure 3.11: Exibição da ferramenta «Ícone da seta» no modelo

Para mover o ponto inicial ou final do ponteiro, faça o seguinte:

1. Mova o cursor para o ponto qual é necessário mover de modo que o cursor tome a forma de .
2. Mantenha pressionado o botão esquerdo do mouse ou o botão com o qual a ferramenta está ativada no momento e mova o ponto.

Para remover o ponteiro, complete os seguintes passos:

1. Mova o cursor até ao ponteiro que é necessário remover de modo que o cursor tome a forma de .
2. Premir a tecla **Delete** no teclado ou clicar com o botão direito do mouse e selecione **«Remover a seta»**.

Para configurar os parâmetros da ferramenta, mova o cursor até ao ponteiro de modo que o cursor tome a forma de . Clique no botão direito do rato e no menu contextual selecione o item **«Opções...»**.

Na caixa de diálogo **«Configurações da seta»** que se abre, defina a cor e a espessura da linha da seta. Adicione uma breve descrição no campo **«Texto»** e defina o tamanho da fonte. Se está marcada a opção **«Definir como padrão»**, as configurações definidas de cor, espessura de linha e tamanho de texto serão aplicadas por padrão na criação de novos ponteiros. Premir **«OK»** para aplicar as definições ou **«CANCELAR»** para cancelar.

A ferramenta **«Ícone da seta»** também está disponível no menu de contexto do modelo e na seção **«Volume»** do menu principal. A ativação só é possível com o botão esquerdo do mouse.

3.11.6 Definir o tamanho do texto para as ferramentas de medição

Para redimensionar o texto de uma medição existente, clique com o botão direito do rato num ponto, linha ou texto que apresenta o resultado da medição. Clique com o rato no ponto, linha ou texto que apresenta o resultado da medição. No menu de contexto que se abre, selecione **«Options...»**.

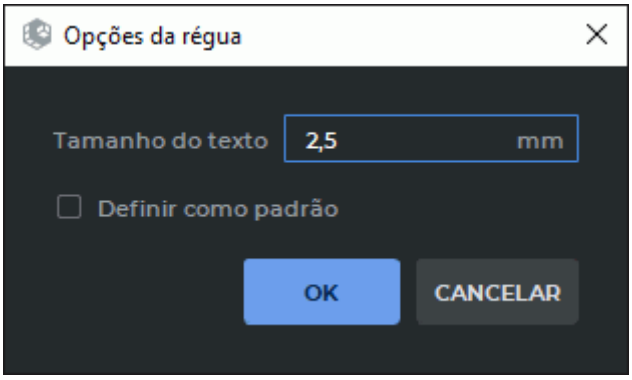


Figure 3.12: Caixa de diálogo de definição do tamanho do texto ferramenta de medição

Na caixa de diálogo (Fig. 3.12), defina o tamanho do texto em milímetros. O tamanho mínimo permitido para o texto é de 1 mm. Para aplicar as configurações definidas por defeito ao efetuar novas medições, definir a bandeira Definir como padrão. Para aplicar as definições por defeito quando se efetuam novas medições, definir a bandeira **«Definir como padrão»**.

Premir **«OK»** para aplicar as definições ou **«CANCELAR»** para cancelar.

3.12 Marcadores

Trabalhar com marcadores é basicamente o mesmo descrito na Seção 5.12. As diferenças são as seguintes:

- Para mover o marcador, mova o cursor do mouse sobre o círculo no centr. Se a escala da imagem for pequena o suficiente, esse círculo pode ser maior que o marcador.
- Se o marcador estiver localizado em uma superfície que não está visível atrás de outros tecidos, apenas o círculo no centro do marcador ficará visível e o próprio marcador ficará oculto. Se você mover o marcador, ele se moverá para a superfície do modelo que está visível no momento.

Para informações sobre exportação e importação de marcadores veja as Seções 6.7.8 e 6.7.9.

3.13 Exportação de modelo

Todas as abas podem não caber na janela; nesse caso, para rolar pelas abas use as setas esquerda e direita

A exportação do modelo para DICOM e para a imagem é semelhante à exportação de imagens, descrita na Seção 2.28.

3.13.1 Exportação de frames de um modelo rotativo para uma série

Para exportar, siga os seguintes passos:

1. Digite uma descrição para a série.
2. Marque o eixo de rotação (por padrão, Y).
3. Especifique o ângulo de rotação em graus (90 graus por padrão).
4. Especifique a etapa de rotação em graus (o padrão é 5 graus).
5. Se você precisar carregar imediatamente a série exportada para o servidor, marque a opção **«Carregar série exportada para o servidor padrão»**. Se nenhum servidor padrão for especificado no DICOM Viewer esta opção será desativada.
6. Marque o tamanho das imagens, se necessário.

Clique em **«OK»** para exportar ou **«CANCELAR»** para cancelar a ação.

3.13.2 Exportação de frames de um modelo rotativo para arquivos

Para exportar siga os seguintes passos:

1. Marque o caminho para a pasta para salvar as imagens.
2. Especifique um nome de arquivo (índices numéricos serão adicionados a ele para cada imagem).
3. Selecione uma extensão de arquivo.

Outras opções são descritas na seção anterior.
Clique em **«OK»** para exportar ou **«CANCELAR»** para cancelar a ação.
A exportação também está disponível na seção **«Volume»** do menu principal.

3.14 Configuração de visualização

Ferramenta **«Configurações de renderização»** permite definir a qualidade de visualização do modelo 3D e o limite de opacidade. A ferramenta está disponível na barra de ferramentas nas abas **«Reconstrução volumétrica»**, **«Reconstrução MPR»**, **«Análise de vasos»**, **«Análise das artérias coronárias»** e na seção **«Volume»** menu principal.

A qualidade de renderização é definida separadamente para um modelo estacionário e um modelo em movimento. Se a qualidade estiver definida como alta, a atualização da imagem pode ser atrasada devido à falta de recursos do computador.

O limite de opacidade permite ignorar tecidos relativamente transparentes ao fazer medições e construir segmentos. Ou seja, os tecidos com nível de transparência inferior ao valor definido serão visíveis, porém o ponto nodal da ferramenta de medição será projetado nos tecidos com nível de transparência superior. Ao construir segmentos, tais tecidos não serão incluídos no segmento.

Para definir as opções de renderização, execute:

1. Clique no botão **«Configurações de renderização»** na barra de ferramentas. Abrir-se-á a janela mostrada na Fig. 3.13.

2. Para melhorar a percepção de partes individuais do modelo tridimensional, o usuário pode alterar a cor de fundo. Para fazer isso, clique no quadrado colorido na linha **«Cor do fundo»** (indicado pela caixa vermelha na Fig. 3.13). Selecione a cor desejada na janela de diálogo que se abre. Por padrão, a cor do plano de fundo é preta. A cor de fundo selecionada pelo usuário é aplicada às janelas com modelos volumétricos na aba atual e a todas as janelas com modelos volumétricos criados no futuro.

3. Ao mover os controles deslizantes, ajuste a qualidade de visualização do modelo 3D durante o movimento (**«Qualidade dinâmica»**) e em um estado estacionário (**«Qualidade estática»**). A posição correta do controle deslizante é a qualidade máxima.

4. Marque o valor do limite de opacidade em porcentagem para as ferramentas de medição (opção **«Projeção de ponto»**). Alterar o valor do limite de opacidade melhora a usabilidade das ferramentas de medição linear e angular, marcadores e a ferramenta **«Selecionar o ponto de modelo»** (Seção 3.5).

   As ferramentas de edição de volume (**«Cortar objeto»**, **«Cortar tudo exceto objeto»** e **«Cortar»**) removem o tecido abaixo de um nível de opacidade especificado. Para obter mais informações sobre como gerenciar ferramentas de edição de volume, consulte 3.8.

5. Marque o valor do limite de opacidade no campo **«Segmentação»**. O valor no campo **«Segmentação»** afeta o nível de opacidade dos voxels no modo de segmentação.

6. Clique no botão **«FECHAR»**.

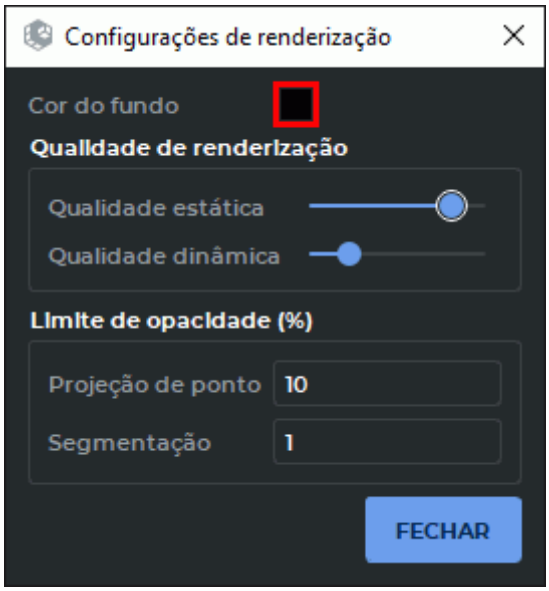


Figure 3.13: Janela de configurações de visualização

3.15 Reconstrução por série com diferentes distâncias entre seções

Se a série contiver imagens tiradas com diferentes etapas, a reconstrução volumétrica usando o algoritmo padrão é impossível. Este problema é resolvido de duas maneiras:

1. As imagens ausentes são recriadas (interpoladas). Neste caso, a reconstrução será imprecisa. O DICOM Viewer emitirá um aviso **«Distância entre cortes da série varia muito: distância entre maioria dos cortes: 0,802676 mm; distância mínima: 0,799 mm; distância máxima: 1,599 mm. Modelo pode ser impreciso»**.

2. A reconstrução é realizada na parte da série em que as distâncias entre as seções são constantes. Neste caso, a reconstrução não será completa. O DICOM Viewer exibirá um aviso **«Distância entre cortes da série varia muito. Apenas cortes 2-300 de 300 são usados»**.

O primeiro método é usado por padrão. A definição do método de reconstrução por padrão é descrita na Seção 16.7.3.

3.16 Subtração de volumes para as séries combinadas

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

O DICOM Viewer permite-lhe subtrair o volume de uma camada do volume de outra camada numa série combinada. O volume de uma camada é subtraído do volume de outra camada numa série fundida. O resultado da subtração é exportado para o estudo atual como uma nova série.

Esta funcionalidade permite executar a subtração para séries que tenham disposição mútua arbitrária de cortes, com e sem contraste.

Para subtrair o volume de uma camada do volume de outra camada em uma série mesclada, execute:

1. Abra a série combinada no separador **«Reconstrução MPR»** ou **«Reconstrução volumétrica»**. Para o fazer, no separador **«Fusão de séries»** clique no botão ou na barra de ferramentas ou selecionar o comando correspondente na secção **«Exibir»** do menu principal.

2. No painel de segmentação, selecione a camada a partir da qual pretende efetuar a subtração. Se a série mesclada consistir em séries para a mesma parte do corpo com e sem contraste, selecione a camada com contraste como a camada a partir da qual a subtração é executada.

3. Clicar no botão **«Subtrair volumes»** no painel de edição de volumes.

4. Na janela de diálogo aberta (Fig. 3.14) adicione uma descrição da série criada. Por defeito, a descrição é gerada automaticamente com base no modelo *<Nome da primeira camada>(subtracted)*. Verifique as informações sobre a camada de origem e selecione camada subtraída.

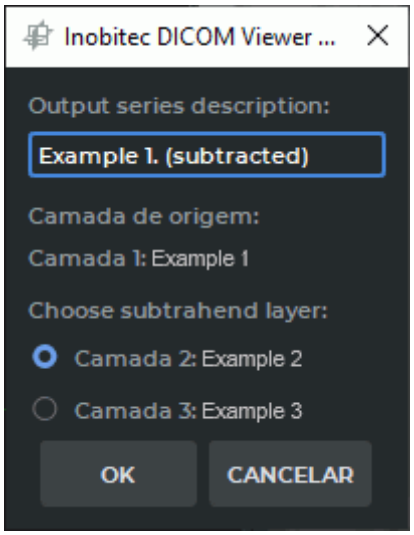


Figure 3.14: Criação de uma série combinada para subtração de volume

5. Clique em **«OK»** para efetuar a subtração de camadas da série fundida e exportar a nova série para o estudo atual, ou em **CANCELAR** para cancelar. O procedimento de subtração e exportação pode demorar algum tempo.

   A série exportada é guardada no armazenamento local como uma nova série. Uma miniatura da nova série é adicionada à série atual no painel de séries.

6. Clique no separador **«Armazenamento Local»**. Abrir uma nova série no estudo atual uma nova série no separador **«Reconstrução volumétrica»** ou **«Reconstrução MPR»**. Para isso, clique no botão ou na barra de ferramentas ou selecione o comando apropriado na secção **«Exibir»** do menu principal.

7. Se necessário, altere a tabela de cores atual no painel de definições de visualização (ver Secção 2.23) e edite a imagem removendo fragmentos desnecessários com ferramentas de edição.

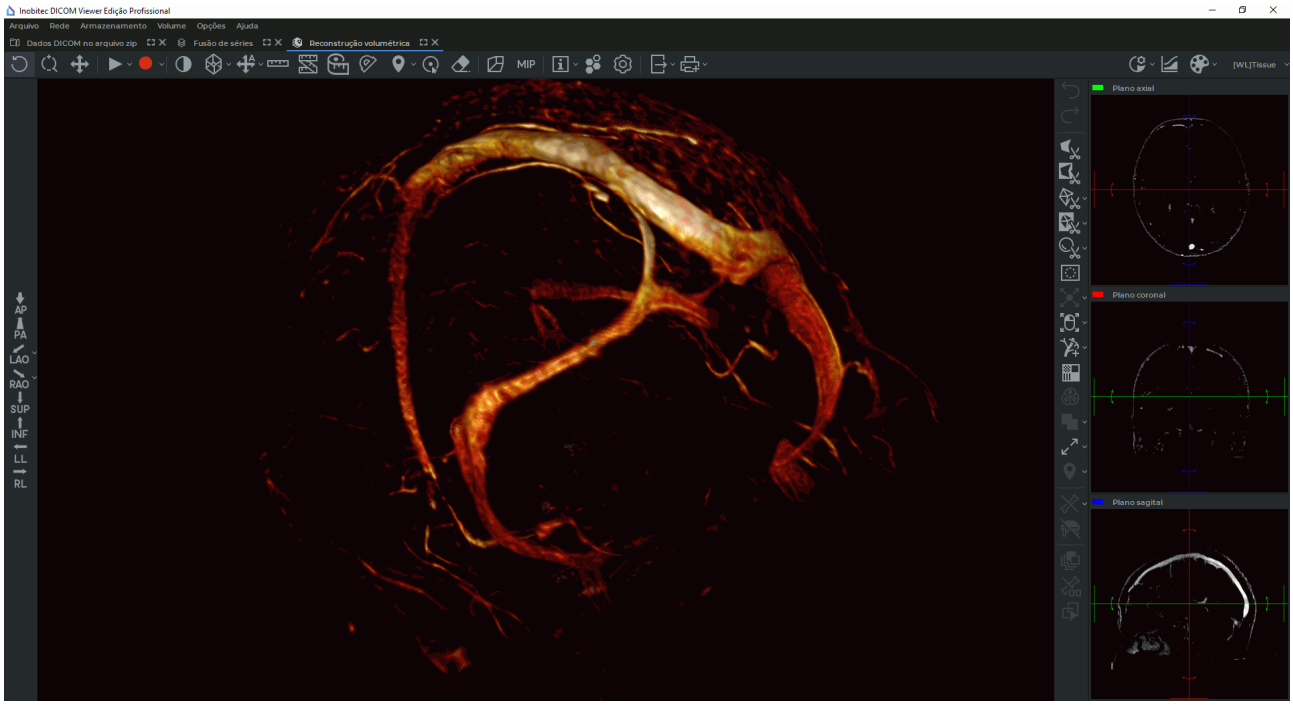


Figure 3.15: Volumes das séries fundidas deduzidos

A Fig. 3.15 mostra o resultado da subtração da série com contraste à série sem contraste para a mesma parte do corpo.

É possível a remoção incorreta de tecido. Esta funcionalidade deve ser utilizada como ajuda. O diagnóstico deve ser ser efetuado com base nas imagens originais.

3.17 Remoção de estruturas ósseas

3.17.1 Remoção de estruturas ósseas no modo manual (interativo)

A remoção óssea interativa é realizada usando o método de hidrodivisão. Para ativar o modo interativo, clique na seta no botão **«Remover ossos»** na barra de ferramentas e marque a opção **«Interativo»**.

Para remover os ossos, siga estas etapas:

1. Abra uma série contendo estruturas ósseas na janela de reconstrução 3D.

2. Ative a ferramenta **«Remover ossos»** com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para trabalhar mais com a ferramenta, use o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Consulte a Seção 1.14. É iniciada a inicialização, o que pode levar algum tempo.

3. Coloque um ou mais marcadores em tecidos que não precisam ser removidos. Para isso, clique nos tecidos com o botão que ativou a ferramenta, mantendo pressionada a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) do teclado.

4. Para remover ossos ou outros tecidos, clique nesses tecidos com o botão que ativou a ferramenta. A remoção pode demorar algum tempo.

5. Para desfazer uma ação, clique no botão **«Desfazer»** , para refazer, no botã **«Refazer»** .

Para ajustar as opções da ferramenta, clique na seta no botão **«Remover ossos»** e selecione **«Configurações...»**.

3.17.2 Remoção de estruturas ósseas em modo manual (automático)

Você pode remover estruturas ósseas para qualquer série definindo os parâmetros necessários manualmente. Para fazer isso, desative o modo interativo da ferramenta. Para fazer isso, clique na seta no botão **«Remover ossos»** na barra de ferramentas e desmarque a opção **«Interativo»**.

Para remover estruturas ósseas no modo manual, faça o seguinte:

1. Abra uma série contendo estruturas ósseas na janela de reconstrução 3D.

2. Clique no botão **«Remover ossos»** na barra de ferramentas. Uma caixa de diálogo será aberta.

3. Na caixa de diálogo (Fig. 3.16) marque o valor da **«Densidade óssea mínima(HU)»** na escala Hounsfield (HU). Todos os tecidos que excedem este valor são removidos. Definir o valor mínimo de densidade óssea para ser igual à densidade óssea mole pode remover tecido que não seja osso.

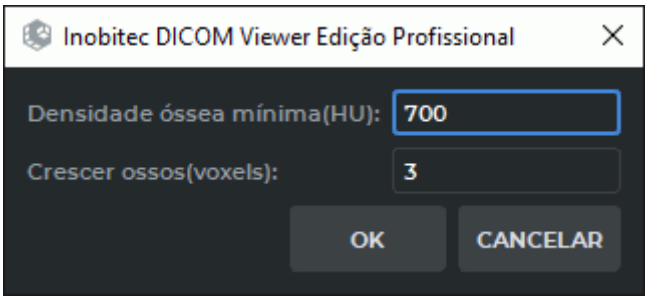


Figure 3.16: Diálogo para definir parâmetros de remoção de tecido ósseo

4. Marque o valor para o parâmetro **«Crescer ossos(voxels)»**. Este valor permite definir a espessura em voxels da camada externa dos tecidos moles dos ossos.

5. Clique em **<OK»** para remover os ossos ou **«CANCELAR»** para cancelar.

6. Como resultado da operação, o tecido ósseo é removido. Outros tecidos adjacentes ao osso, como vasos sanguíneos, não são removidos.

Todos esses valores devem ser selecionados experimentalmente. Valores dados por padrão não são ideais.

Para remover ossos menos densos, pressione o botão **«Remover ossos»** e diminua o valor mínimo de densidade óssea. Se o valor for muito baixo, cancele a última exclusão pressionando o botão **«Desfazer»** e aumente o valor mínimo de densidade óssea para a próxima exclusão.

Talvez ocorra a remoção errônea de tecidos que não são estruturas ósseas. Essa funcionalidade deve ser usada como auxiliar. O diagnóstico deve ser feito com base nas imagens originais.

A ferramenta também está disponível na seção **«Volume»** do menu principal.

3.17.3 Remoção de estruturas ósseas para uma série combinada

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Esta ferramenta é utilizada para análises angiográficos e outros que contenham pelo menos uma série com e sem contraste para a mesma área do corpo.

Para remover estruturas ósseas, siga estas etapas:

1. Combine séries com e sem contraste na aba **«Fusão de séries»** (Capítulo 4). A série agrupada é armazenada localmente no mesmo estudo.

2. Abra a série mesclada na aba **«Reconstrução volumétrica»** ou **«Reconstrução MPR»**. Para fazer isso, clique no botão ou ou na barra de ferramentas ou selecione o comando apropriado na seção **«Exibir»** do menu principal.

3. Selecione a série que contém contraste na lista de camadas. A primeira série é selecionada por padrão.

4. Clique no botão **«Remover ossos»** na barra de ferramentas de edição.

   Na caixa de diálogo aberta (Fig. 3.17) insira o nome da nova série. Por padrão, a nova série é denominada *<Nome da primeira camada>(Bones subtracted)*. Sob o nome da nova série, são exibidos os nomes das camadas da série criada. Clique em **«OK»** para criar uma nova série ou em **«CANCELAR»** para cancelar. O processo de remoção das estruturas ósseas leva algum tempo. Quando concluída, uma nova série com os ossos removidos aparecerá na barra de séries para esse estudo.

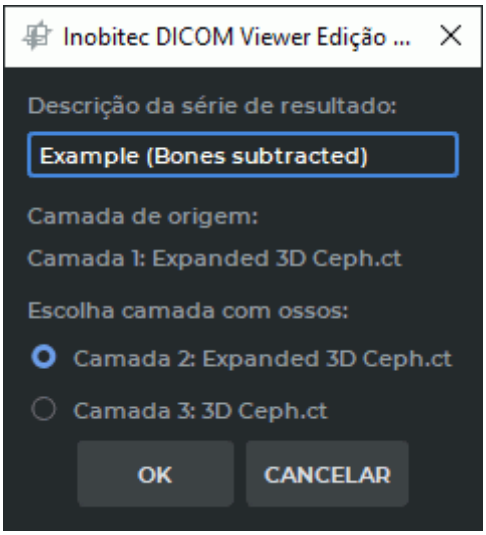


Figure 3.17: Criando uma série mesclada para subtrair estruturas ósseas

5. Acesse a aba **«Armazenamento Local»**. Abra uma nova série na aba **«Reconstrução volumétrica»** ou **«Reconstrução MPR»**. Para fazer isso, clique no botão ou na barra de ferramentas ou selecione o comando apropriado na seção **«Exibir»** do menu principal.

6. Altere a tabela de cores atual para a tabela de cores **«CT-Bones»** na barra de configurações de visualização (consulte a Seção 2.23).

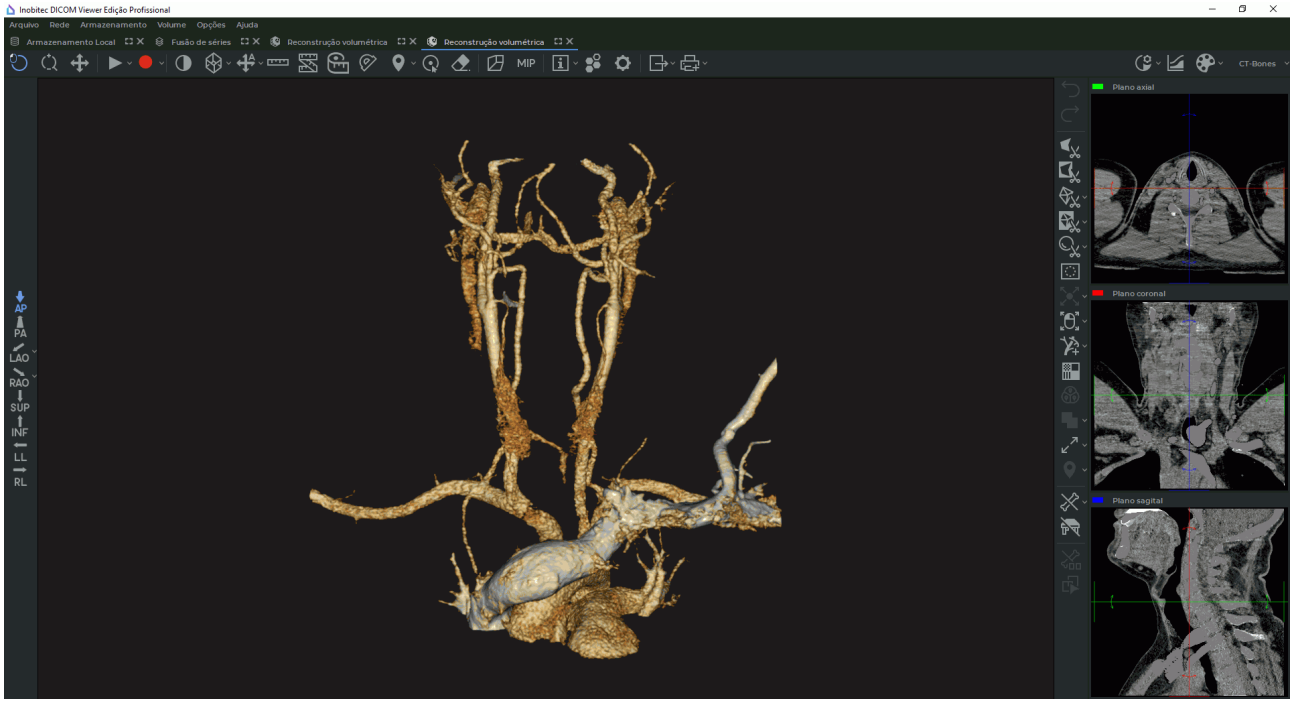


Figure 3.18: Estruturas ósseas removidas

Se necessário, edite a imagem removendo fragmentos de osso com as ferramentas de edição.

Talvez ocorra a remoção errônea de tecidos que não são estruturas ósseas. Essa funcionalidade deve ser usada como auxiliar. O diagnóstico deve ser feito com base nas imagens iniciais.

Chapter 4

Fusão de séries

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Trabalhar com séries mescladas é diferente para diferentes dispositivos de renderização:

- **em um renderizador baseado em CPU, a exibição de séries mescladas na aba «Reconstrução volumétrica» pode ser imprecisa;**
- **para o renderizador CUDA, a exibição de mais de 4 séries mescladas na guia «Reconstrução volumétrica» não é suportada;**
- **para renderizadores OpenCL e Metal, não há suporte para a exibição de mais de 4 séries mescladas na guia «Reconstrução volumétrica» e mais de 8 séries mescladas na guia «Reconstrução MPR».**

As séries adequadas para fusão devem preencher os seguintes requisitos:

- as imagens da série devem ser monocromáticas;
- as imagens das séries devem poder ser ordenadas por posição e por fase;
- nas séries multifásicas, o número de fases deve ser o mesmo. É possível fundir séries com uma fase e séries com várias fases.

A fusão de séries não está disponível para séries resultantes de outra fusão.

A visualização da fusão de séries é semelhante à visualização de séries no separador Ver da secção de imagens planas e é descrita na Secção 2.7.

4.1 Criar uma série mesclada

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para criar uma série mesclada, faça o seguinte:

1. Abra a análise.

2. Selecione uma série.

3. Clique no botão **«Fusão de séries»** e na barra de ferramentas ou selecione o comando apropriado na seção **«Exibir»** do menu principal.

4. No separador **«Fusão de séries»** que se abre, no painel **«Séries disponíveis»** selecione a série que pretende fundir com a série selecionada (Fig. 4.1).

   O painel **«Séries disponíveis»** apresenta as miniaturas das séries disponíveis para fusão. Cada miniatura apresenta informações: o ícone da fonte de dados (canto superior esquerdo) o número de imagens (canto superior direito) e a modalidade da série (canto superior direito).

5. Para adicionar uma série destacada, clique no botão **«Adicionar série como camada nova»** ou selecione o comando apropriado na seção **«Fusão de séries»** do menu principal. A série adicionada é apresentada no painel **«Lista de camadas»** (Fig. 4.1).

   O painel **«Lista de camadas»** apresenta as miniaturas das séries que estão incluídas na fusão. Cada miniatura apresenta informações: O ícone da fonte de dados (no canto superior esquerdo), o número de imagens (no canto superior direito) e a modalidade da série (no canto inferior direito).

   Se a série fundida já estiver aberta nos separadores **«Reconstrução MPR»** ou **«Reconstrução volumétrica»**, é também adicionada uma camada nestes separadores.

Figure 4.1: Lista de camadas e lista de séries disponíveis para fusão

6. Para excluir uma camada do painel **«Lista de camadas»**, seleccione-a e clique no botão **«Remover camada»** ou selecione o comando apropriado na seção **«Fusão de séries»** do menu principal. Se a série mesclada já estiver aberta na janela **«Reconstrução MPR»** ou **«Reconstrução volumétrica»**, a camada também será excluída nessas janelas.

   A primeira camada (base) do painel «Lista de camadas» não pode ser eliminada.

7. Se necessário, abra a série mesclada na janela de **«Reconstrução volumétrica»**, **«Reconstrução MPR»** ou endoscopia virtual **«Endoscopia virtual»** clicando no botão correspondente na barra de ferramentas.

A série mesclada aparece no painel de séries da análise atual, de onde também pode ser aberta.

4.2 Combinando séries de diferentes análises

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para mesclar séries de análises diferentes, siga estas etapas:

1. Selecione a primeira análise no painel de pesquisa.
2. Selecione uma das séries desta análise.
3. Clique no botão **«Fusão de séries»** na barra de ferramentas ou selecione o comando apropriado na seção **«Fusão de séries»** do menu principal.
4. No separador **«Fusão de séries»** do painel **«Lista de camadas»** que se abre, é apresentada a série selecionada. O painel **«Lista de camadas»** apresenta as séries que são visualizadas.
5. Vá para a aba anterior.
6. Selecione uma análise diferente no painel de análises.
7. Selecione a série a ser mesclada com a série selecionada da primeira análise.
8. Arraste a série para a aba **«Fusão de séries»**. A segunda série será adicionada à lista de camadas (Fig. 4.1).
9. Para excluir uma camada do painel **«Lista de camadas»**, seleccione-a e clique no botão **«Remover camada»** ou selecione o comando apropriado na seção **«Fusão de séries»** do menu principal.

   A primeira camada (base) do painel «Lista de camadas» não pode ser eliminada.

10. Marque o dispositivo de renderização para as camadas (consulte a Seção 2.23.1).

A ordem na qual as séries são selecionadas é importante ao mesclar. A primeira série (básica) ao visualizar imagens planas está localizada atrás da segunda série. Durante a reconstrução volumétrica, o modelo é construído com base na primeira série e, mesmo que a segunda série cubra um volume maior de tecidos, apenas essas imagens são usadas para reconstrução, cuja localização coincide com ambas as séries e o restante são ignorados. A configuração do modo de exibição de intervalo total ao visualizar séries mescladas é descrita em detalhes na Seção 2.17.4.

A série combinada pode ser aberta nas janelas de reconstrução volumétrica e multiplanar e endoscopia virtual.

4.3 Misturando camadas

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

As camadas de uma série mesclada nem sempre correspondem, especialmente quando duas análises diferentes são mescladas (exemplo na Fig. 4.2). Neste caso, as camadas são combinadas.

Para combinar camadas, faça o seguinte:

1. Abra a série mesclada na janela de reconstrução multiplanar, clicando no botão **«Reconstrução MPR»** na barra de ferramentas.

2. Na aba que se abre, abra o painel de segmentação clicando no botão **«Painel de segmentação»** . Na parte inferior do painel existe um painel para combinar camadas (Fig. 4.3).

3. Selecione a camada que deseja combinar com a camada base. Se a camada selecionada tiver o mesmo valor da tag «FrameOfReferenceUID» com qualquer outra, o botão será exibido no painel de alinhamento da camada. Para obter mais informações sobre como mesclar camadas com um sistema de coordenadas bloqueado, consulte 4.3.1.

4. Alinhar camadas automaticamente (Seção 4.3.2), manualmente (Seção 4.3.3) ou por pontos de controle (Seção 4.3.4).

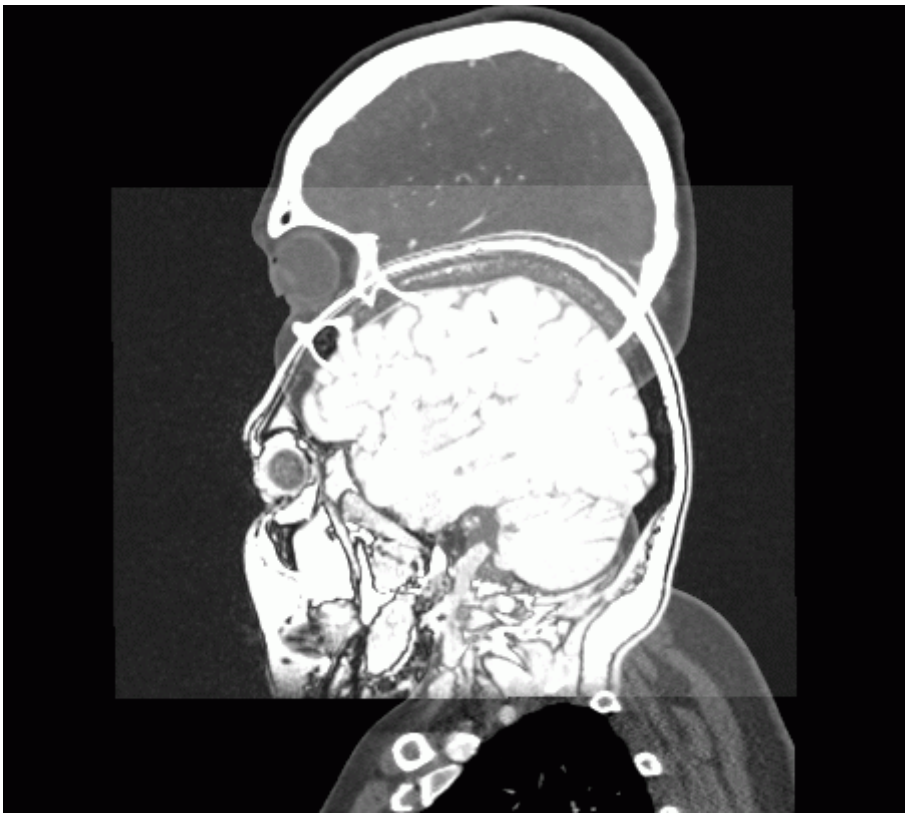


Figure 4.2: Camadas incompatíveis após a fusão

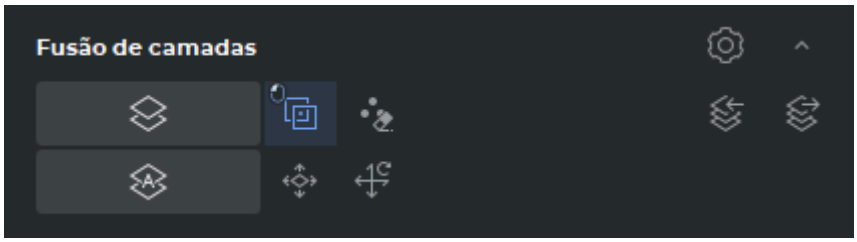


Figure 4.3: Painel de combinação de camadas

Clique no botão **«Ocultar»** para recolher o painel de correspondência de camadas, para expandir o painel recolhido — clique no botão **«Mostrar»** .

Para ajustar as definições do modo de sobreposição, clique no botão **«Opções»** no painel de camadas. A caixa de diálogo para definir o modo de sobreposição é apresentada na Fig. 4.4 abaixo.

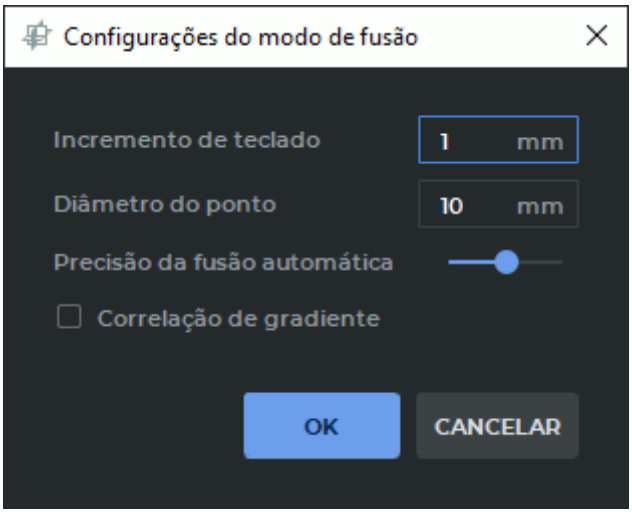


Figure 4.4: Layer fusion mode settings dialog

4.3.1 Bloquear o sistema de coordenadas da camada

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A posição das séries de um estudo é normalmente especificada num sistema de coordenadas. O identificador do sistema de coordenadas é especificado pela etiqueta DICOM «FrameOfReferenceUID». As séries com o mesmo valor da etiqueta «FrameOfReferenceUID» têm um sistema de coordenadas comum.

Se a camada selecionada tiver um sistema de coordenadas comum com qualquer outra camada, então o botão é apresentado no painel de correspondência de camadas. Para a camada de base (primeira), este botão não é apresentado.

Ao executar uma operação de correspondência de camadas, as camadas com um sistema de coordenadas bloqueado alteram a sua posição de forma síncrona com outras camadas que partilham um sistema de coordenadas comum. Se uma camada com sistema de coordenadas bloqueado tiver um sistema de coordenadas comum com a (primeira) camada de base, as operações de correspondência para ela não estão disponíveis sem desbloqueio.

Para alinhar camadas com um sistema de coordenadas comum em relação umas às outras, execute as seguintes acções:

1. Selecione a camada cujo sistema de coordenadas pretende desbloquear para correspondência. O painel Correspondência de camadas exibe o botão .

2. Clique no botão **«Desbloquear sistema de referência de camada»** no painel Mapeamento de camadas. O botão da camada com o sistema de coordenadas desbloqueado tem o seguinte aspeto .

3. Alinhar camadas automaticamente (Seção 4.3.2), manualmente (Seção 4.3.3) ou por pontos de controle (Seção 4.3.4).

4. Se necessário, desbloquear o sistema de coordenadas das outras camadas e efetuar novamente o alinhamento.

O desbloqueio e o bloqueio do sistema de coordenadas são efetuados para cada camada separadamente. As camadas com o sistema de coordenadas desbloqueado podem ser movidas independentemente. A definição da posição das camadas com sistema de coordenadas bloqueado não afeta a posição das camadas com sistema de coordenadas desbloqueado.

Para retornar a camada ao sistema de coordenadas original, clique no botão **«Bloquear sistema de referência de camada»** no painel de correspondência de camadas. A posição da camada é reposta na posição em que se encontrava antes de premir o botão **«Bloquear sistema de referência de camada»** .

Os resultados da configuração da posição das camadas e as informações sobre o bloqueio são salvos no projeto de segmentação (consulte a Seção 6.11.1) e ao exportar para o DICOM (consulte a Seção 4.3.5).

4.3.2 Combinação automática de camadas

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Atenção! As camadas em uma série mesclada que têm o mesmo valor da tag como «FrameOfReferenceUID» que outras camadas são impedidas de serem movidas.

Geralmente o mesmo valor para o «FrameOfReferenceUID» têm séries do mesma análise. Para obter mais informações sobre como mesclar camadas com um sistema de coordenadas bloqueado, consulte 4.3.1.

Para alinhar as camadas automaticamente, faça o seguinte:

1. Clique no botão **«Combinar camadas automaticamente»** no painel de mesclagem (Fig. 4.3). O processo de alinhamento é iniciado e a janela **«Otimizar correlação»** correlação é aberta.

2. Para cancelar o alinhamento, clique em **«CANCELAR»** na janela **«Otimizar correlação»**.

3. Quando o alinhamento estiver concluído, clique em **«CONCLUÍDO»** na janela **«Otimizar correlação»**.

4. A qualidade do registro pode ser insatisfatória se as densidades de tecido nas camadas combinadas forem muito diferentes. Nesse caso, marque a opção **«Correlação de gradiente»** na caixa de diálogo Definições do modo de correspondência (Secção 4.3, Fig. 4.4) e repita as etapas 1 a 3.

5. Para alterar a precisão do alinhamento, mova o controle deslizante **«Precisão do fusão automática»** na caixa de diálogo Definições do modo de correspondência (Secção 4.3, Fig. 4.4) para a direita para aumentar a precisão e para a esquerda para diminuí-la. Quanto maior a precisão, mais demorado é o processo.

Para combinar camadas por volume, faça o seguinte:

1. Selecione a camada que deseja combinar com a camada base.
2. Construa uma estrutura segmentada nesta camada, cuja máscara corresponde ao volume sobre o qual o alinhamento deve ser realizado. A combinação é feita exatamente pela máscara, e não pelo volume construído da estrutura segmentada.
3. Clique no botão **«Combinar camadas automaticamente»** .

4.3.3 Combinação manual de camadas

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Atenção! As camadas em uma série mesclada que têm o mesmo valor da tag como «FrameOfReferenceUID» que outras camadas são impedidas de serem movidas.

Geralmente o mesmo valor para o «FrameOfReferenceUID» têm séries do mesma análise. Para obter mais informações sobre como mesclar camadas com um sistema de coordenadas bloqueado, consulte 4.3.1.

Para combinar camadas manualmente, faça o seguinte:

1. Ative a ferramenta **«Fusão de séries manual»** clicando no botão com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para continuar trabalhando com a ferramenta, utilize o mesmo botão usado para ativá-la. Mais detalhes sobre a gestão de ferramentas na Seção 1.14.
2. Alinhe as imagens em três projeções. Para fazer isso, faça o seguinte:
   - segurando o botão esquerdo do mouse ou pressionando as teclas do cursor , , e , mova a camada selecionada;
   - mantendo pressionada a tecla **Alt** (ou a tecla **Option** para o macOS) no teclado e o botão esquerdo do mouse, gire a camada;
   - mantendo pressionada a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) no teclado e o botão esquerdo do mouse, dimensione a camada selecionada. A escala geralmente é necessária apenas se a calibração do dispositivo com o qual a análise foi realizada for violada.
3. Para cancelar todas as transformações, clique no botão **«Redefinir todas as transformações»** .
4. Para cancelar o dimensionamento, clique no botão **«Redefinir zoom»** .
5. Para alterar o passo de movimentação da camada usando as teclas do cursor, definir o valor pretendido na caixa **«Incremento de teclado»** de diálogo **Layer fusion mode settings** (Secção 4.3, Fig. 4.4).

6. Quando as camadas estiverem alinhadas a um nível aceitável, feche a aba **«Reconstrução MPR»**. A aba **«Fusão de séries»** reaparecerá na tela..

7. Percorra as imagens da série mesclada para ver o resultado da combinação. Se o resultado for insatisfatório, execute o alinhamento novamente.

4.3.4 Combinação de camadas por pontos

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Atenção! As camadas em uma série mesclada que têm o mesmo valor da tag como «FrameOfReferenceUID» que outras camadas são impedidas de serem movidas.

Geralmente o mesmo valor para o «FrameOfReferenceUID» têm séries do mesma análise. Para obter mais informações sobre como mesclar camadas com um sistema de coordenadas bloqueado, consulte 4.3.1.

Para combinar camadas por pontos, faça o seguinte:

1. Torne todas as camadas, exceto a camada base, transparentes. Para tal, desloque o cursor de transparência das janelas MPR da respectiva camada para a esquerda. O controle de transparência é destacado em vermelho na Fig. 4.5.

2. Selecione a camada base no painel **«Segmentação»**.

3. Ative a ferramenta **«Mark the points»** clicando no botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para continuar trabalhando com a ferramenta, utilize o mesmo botão usado para ativá-la. Mais detalhes sobre a gestão de ferramentas na Seção 1.14.

4. Coloque pelo menos três pontos de ancoragem na imagem. Cada ponto tem sua própria cor e número.

5. Selecione a camada que deseja combinar com a camada base. Faça todas as camadas, exceto esta, transparentes.

6. Coloque o mesmo número de pontos de ancoragem nesta camada nos mesmos lugares que os pontos na camada base. A numeração dos pontos começa desde o início. As cores dos pontos com os mesmos números são as mesmas.

7. Se necessário, corrija as posições dos pontos nas três projeções. Quando você passa o mouse sobre um ponto, ele é destacado em todas as três projeções.

8. Para excluir um ponto, passe o mouse sobre ele, clique com o botão direito do mouse e selecione o comando **«Remover ponto»**.

9. Para navegar para as seções que contêm um ponto, passe o mouse sobre ele, clique com o botão direito e selecione o comando **«Ir para ponto»**. O ponto localizado na seção atual é mais brilhante que os outros.

10. Para excluir todos os pontos, clique na seta no botão **«Remover todos os pontos»** no painel de mesclagem. Na caixa de diálogo de confirmação, clique em **«SIM»** para excluir os pontos e em **«NÃO»** para cancelar a exclusão.

11. Para alterar o diâmetro dos pontos, invocar o diálogo Definições do modo de correspondência (Secção 4.3, Fig. 4.4). Na janela que se abre, marque o diâmetro dos pontos.

12. Clique na seta no botão **«Combinar camadas por pontos»** . A segunda camada será movida para que os pontos correspondentes fiquem o mais próximo possível um do outro.

13. Se necessário, ajuste as posições dos pontos e efetue o alinhamento novamente.

14. Se necessário, adicione o mesmo número de pontos às camadas alinhadas.

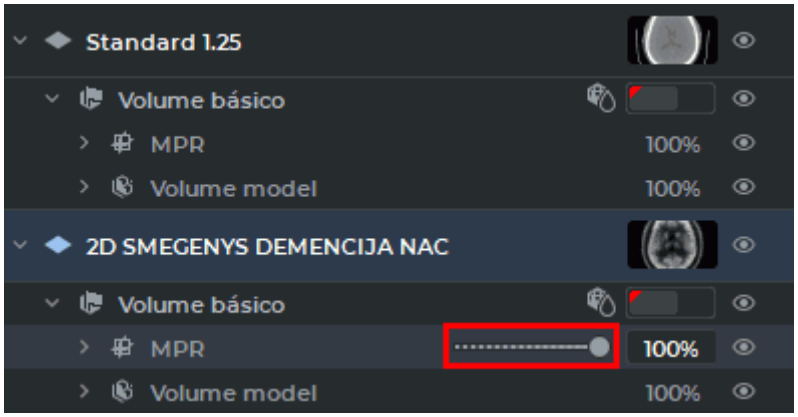


Figure 4.5: Controle deslizante de transparência da camada

A Fig. 4.6 mostra um exemplo de localização de pontos de referência. Os pontos vermelhos (N°1) estão localizados na ponta do nariz, os pontos verdes (N°2) estão no topo da cabeça e os pontos azuis (N°3) estão localizados no olho direito.

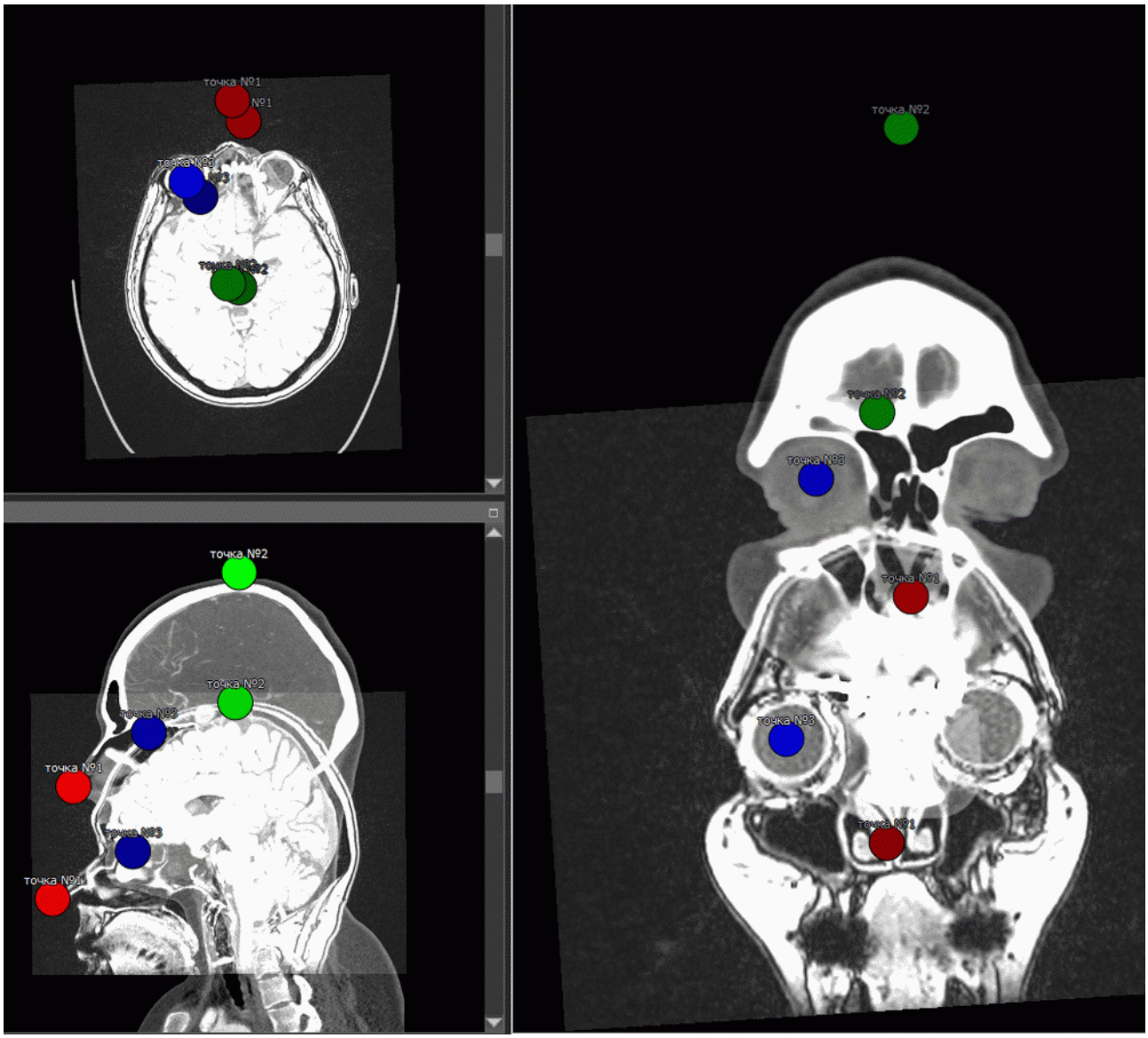


Figure 4.6: Pontos de ancoragem

Se os pontos forem definidos corretamente, após o alinhamento, eles coincidirão com pequenos erros. Se os pontos forem definidos de forma imprecisa, o resultado da combinação será semelhante à Fig. 4.7.

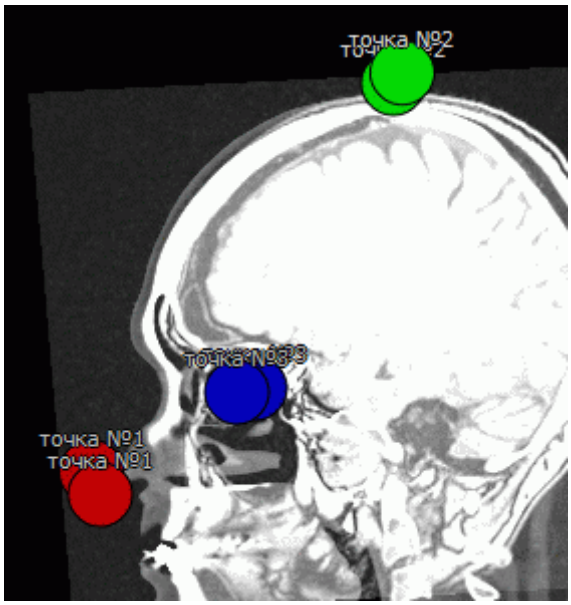


Figure 4.7: Os pontos de referência coincidiram com um grande erro devido à imprecisão da configuração

4.3.5 Exportação e importação de matrizes de combinação de camadas

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O DICOM Viewer exporta e importa matrizes de alinhamento de camadas para o DICOM Spatial Registration IOD (modalidade REG).

Para exportar uma combinação de séries, clique na botão **«Exportar registo de séries para objeto DICOM»** no painel **«Fusion of layers»** (Fig. 4.3).

Na caixa de diálogo aberta **«Exportar para DICOM Registration»** (Fig. 4.8) adicione uma descrição da série exportada com combinação. Por padrão, é salva a descrição «Registo de série». Clique em **«OK»** para exportar a série mesclada ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

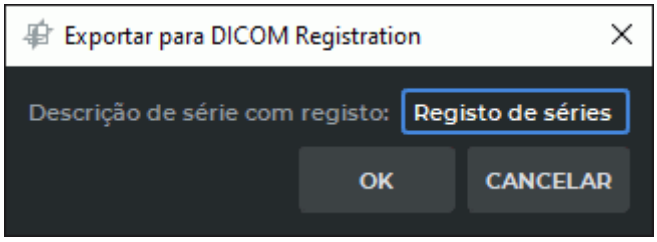


Figure 4.8: Caixa de diálogo «Exportar para DICOM Registration»

A combinação de séries exportada é salva no armazenamento local como uma nova série com a modalidade «REG». A miniatura da nova série é adicionada às atuais no painel da série

na análise que contém a camada base.

Para importar uma matriz de alinhamento de camada, execute:

1. Crie uma série mesclada da série para a qual o objeto **«DICOM Registration»** foi exportado. Preste atenção na ordem em que as séries são selecionadas. Selecione a primeira camada (base).

2. Clique na botão**«Importar registro de séries para objeto DICOM»** no painel **«Fusion of layers»** (Fig. 4.3).

3. Na caixa de diálogo aberta **«Importar de DICOM Registration»** (Fig. 4.9) selecione a matriz de alinhamento a ser exportada. Clique em **«OK»** para importar a matriz de registro da série ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

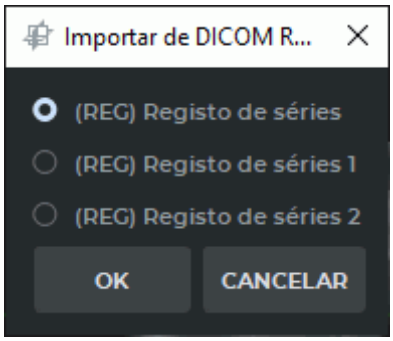


Figure 4.9: Caixa de diálogo «Importar de DICOM Registration»

As camadas são alinhadas em relação à primeira camada (base).

4.4 Registro de imagens

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

Ao contrário das ferramentas de mesclagem de camadas (Seção 4.3) o registro de imagens permite deformar as próprias imagens para que sua coincidência seja máxima. Se a incompatibilidade da série for muito grande (por exemplo, o paciente se virou), você deve primeiro combinar as camadas manualmente ou automaticamente e, em seguida, realizar o registro da imagem.

O registo de imagens é possível para:

- séries da mesma modalidade;
- fases de uma série.

Se a análise contiver imagens com densidade variável ao longo do tempo (devido à injeção de contraste, por exemplo), o registro pode não ser realizado corretamente. Use uma das seguintes soluções para resolver esse problema:

- Exclua tecidos com densidade variável configurando a caixa de diálogo de configurações de registro para o valor máximo da faixa de densidade para a qual o registro é executado. Nesse caso, tecidos com densidade superior à especificada não participam do registro e sua deformação é realizada de acordo com um algoritmo diferente.

- Ative o modo **«Usar gradiente de imagem»** na caixa de diálogo de configurações de registro. Este modo requer muita memória da placa de vídeo. Se o registro falhou devido à falta de memória da placa de vídeo, desative este modo ou selecione o dispositivo de visualização «CPU(software)» (Seção 16.7.3).

Se houver ar nas imagens fora do corpo do paciente, a densidade dessas áreas para análises de CT geralmente é menor ou igual a -1024. Essas áreas de imagens não fazem sentido registrar, portanto, para análises de CT, por padrão, o valor mínimo da faixa de densidade é definido como -1023.

Se o registro falhou devido à falta de memória da placa de vídeo, selecione o dispositivo de visualização «CPU(software)» (Seção 16.7.3). Nesse caso, o registro demora mais, mas é feito independentemente da quantidade de memória da placa de vídeo.

4.4.1 Registro de séries

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para cadastrar duas séries, siga os seguintes passos:

1. Combine duas ou mais séries.

2. Abra a série combinada na janela de reconstrução multiplanar.

3. Se o deslocamento for muito grande, por exemplo, o paciente virou-se de costas para o estômago , primeiro alinhe as camadas (Seção 4.3). Quanto mais precisamente as camadas estiverem alinhadas, mais rápido o registro será realizado.

4. Abra o Painel de segmentação clicando no botão **«Painel de segmentação»** .

5. No painel de camadas, selecione a camada cujas imagens são tomadas como base e não mudam (camada fixa).

6. Pressione o botão **«Registo de volumes»** . Aparecerá uma caixa de diálogo mostrada na Fig. 4.10. Se houver mais de duas séries, é exibida uma lista na caixa de diálogo, na qual é necessário selecionar apenas uma série a ser cadastrada (**«Escolha camada com série para ajustar»**).

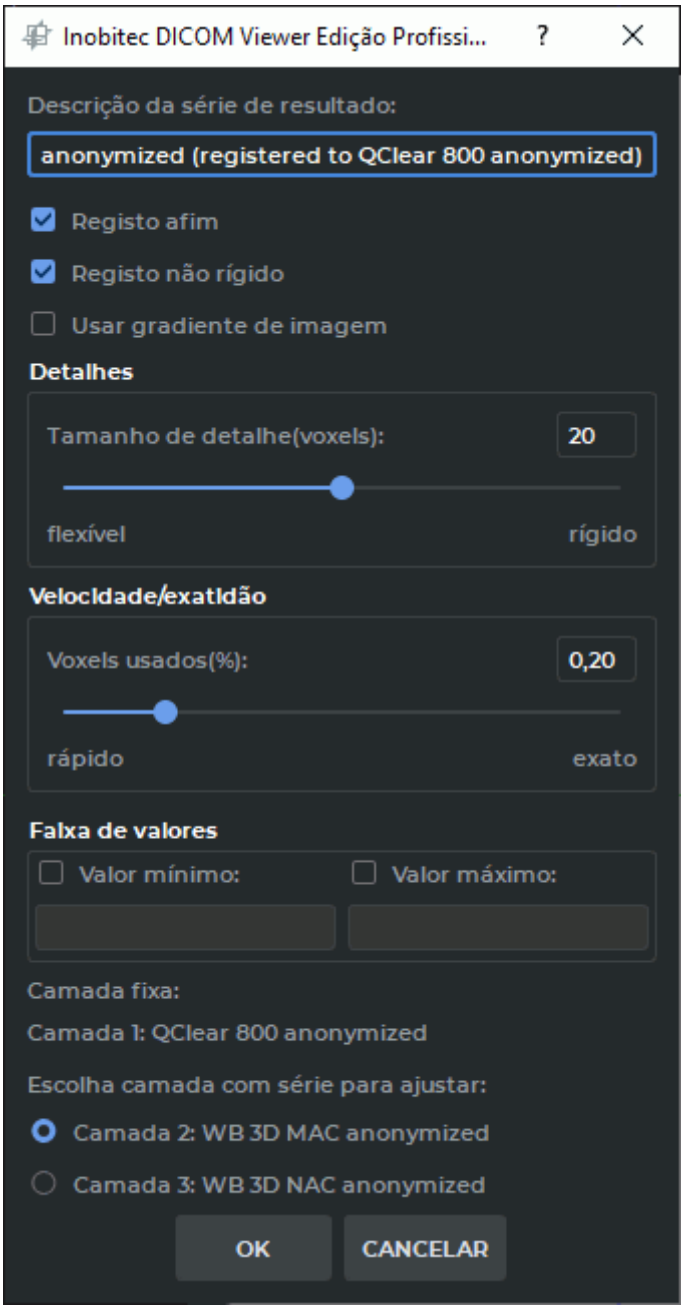


Figure 4.10: Diálogo de definições de registo em série

7. O campo **«Descrição da série de resultado»** é preenchido automaticamente com base no nome da série a ser registrada com o marcador **«(registered)»**. Altere a descrição se necessário.

8. Selecione as opções de registro desejadas definindo seus sinalizadores (**«Registo afim»**, **«Registo não rígido»**, **«Usar gradiente de imagem»**).

9. Marque o tamanho mínimo de detalhes que afetarão o registro. O tamanho padrão é 20 voxels. Quanto menor o valor, mais detalhes são registrados, mas o risco de registro incorreto aumenta.

10. Marque a porcentagem de voxels que são usados no registro. Quanto maior o valor, maior a precisão, mas mais lenta a velocidade de registro.

11. Se for necessário realizar o registro para uma faixa específica de densidades, marque o valor mínimo e/ou máximo. Para fazer isso, marque a opção apropriada e insira um valor numérico. Se a opção estiver definida, mas nenhum valor for inserido, o botão **«OK»** será desativado. Para exames de CT, o valor mínimo padrão é definido como -1023.

12. Clique no botão **«OK»** para registrar imagens ou **«CANCELAR»** para cancelar. O registro pode demorar muito, dependendo da quantidade de memória e da velocidade do computador.

4.4.2 Registrando múltiplas fases

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para registrar fases uma série, siga estes passos:

1. Abrir a série com múltiplas fases na janela de reconstrução volumétrica ou multiplanar.

2. Abra o painel de segmentação clicando no botão **«Painel de segmentação»** .

3. Clique no botão **«Registo de volumes»** . Aparecerá a caixa de diálogo mostrada na Fig. 4.11.

4. O campo **«Descrição da série de resultado»** é preenchido automaticamente com base no nome da série a ser registrada com a marca **«(registered)»**. Altere a descrição se necessário.

5. Selecione uma fase que não deve mudar (fase fixa).

6. Selecione as opções de registro desejadas definindo seus sinalizadores (**«Registo afim»**, **«Registo não rígido»**, **«Usar gradiente de imagem»**).

7. Marque o tamanho mínimo de detalhes que afetarão o registro. O tamanho padrão é 20 voxels. Quanto menor o valor, mais detalhes são registrados, mas o risco de registro incorreto aumenta.

8. Marque a porcentagem de voxels que são usados no registro. Quanto maior o valor, maior a precisão, mas mais lenta a velocidade de registro.

9. Se for necessário realizar o registro para uma faixa específica de densidades, marque o valor mínimo e/ou máximo. Para fazer isso, marque a opção apropriada e insira um valor numérico. Se a opção estiver definida, mas nenhum valor for inserido, o botão **«OK»** será desativado. Para exames de CT, o valor mínimo padrão é definido como -1023.

10. Clique no botão **«OK»** para registrar imagens ou **«CANCELAR»** para cancelar. O registro pode demorar muito, dependendo da quantidade de memória e da velocidade do computador.

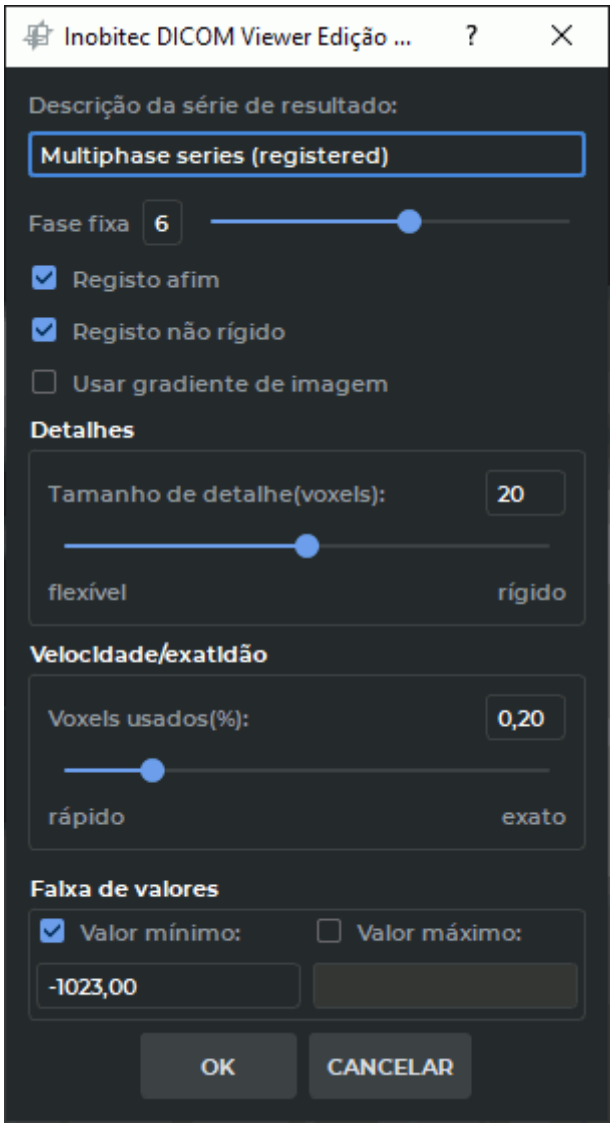


Figure 4.11: Diálogo de configuração de registro de fases

4.5 Ações com a série combinada

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A barra de ferramentas contém as seguintes ferramentas para trabalhar com séries mescladas:

	A ferramenta **«Rolar»** é descrita na Seção 2.7
	A ferramenta **«Modo de junção de imagens»** é descrita na Seção 4.6

	A ferramenta **«Girar»** é descrita na Seção 2.16
	A ferramenta **«Zoom»** é descrita na Seção 2.16
	A ferramenta **«Deslocar»** é descrita na Seção 2.16
	A ferramenta **«Ajustar Janela/Nível»** é descrita na Seção 2.17
	A ferramenta **«Régua»** é descrita na Seção 2.19
	A ferramenta **«Angulo»** é descrita na Seção 2.19
	A ferramenta **«Ângulo de Cobb»** é descrita na Seção 2.19
	A ferramenta **«Valor de ponto»** é descrita na Seção 2.19
	A ferramenta **«Retângulo ROI»** é descrita na Seção 2.19
	A ferramenta **«Elipse ROI»** é descrita na Seção 2.19
	A ferramenta **«Polígono ROI»** é descrita na Seção 2.19
	A ferramenta **«Excluir todas as anotações e medidas»** é descrita na Seção 2.19
	A ferramenta **«Exportação rápida de imagens»** é descrita na Seção 2.28
	A ferramenta **«Adicionar à lista de impressão»** é descrita na Seção 19

4.6 Costura de camadas

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Se a análise contiver várias séries, que são os resultados da digitalização de seções de uma área estendida, essas séries podem ser combinadas em uma no modo «costura» de camadas. O arranjo mútuo de imagens de diferentes camadas é determinado automaticamente de acordo com os dados do scanner.

Para aplicar o modo de costura, faça o seguinte:

1. Abra a análise que contém a série a ser costurada no modo de combinação de séries.

2. Crie uma série combinada. Se as imagens não couberem na janela, use as ferramentas de posicionamento de imagem **«Zoom»** e **«Deslocar»** (Seção 4.5).

3. Clique no botão **«Modo de junção de imagens»** na barra de ferramentas. A exibição da série mudará da mesma maneira que a mostrada na Fig. 4.12 (à esquerda está a imagem da série combinada antes da «costura», à direita, depois).

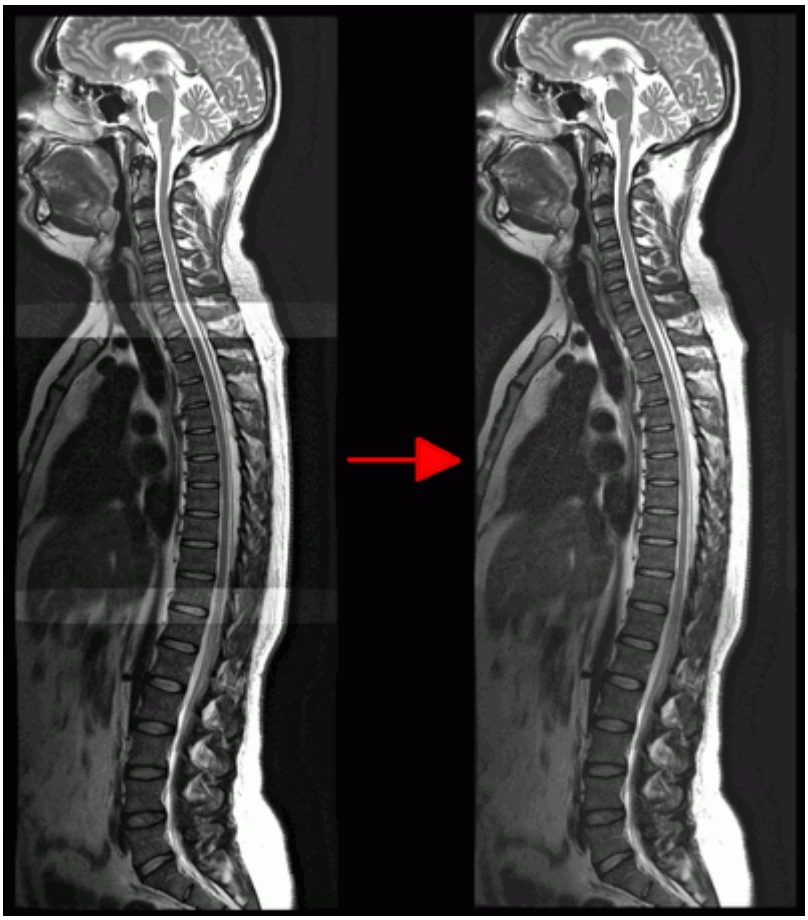


Figure 4.12: Alterações no modo de costura de camada (imagem costurada à direita)

Após a costura, a ferramenta **«Ajustar Janela/Nível»** é aplicada a toda a série mesclada.

4.7 Volumes de «ligação»

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

O DICOM Viewer permite-lhe exportar para o estudo atual a fusão de várias séries como uma nova série. Neste caso, as camadas das séries fundidas são «costuradas» numa única camada.

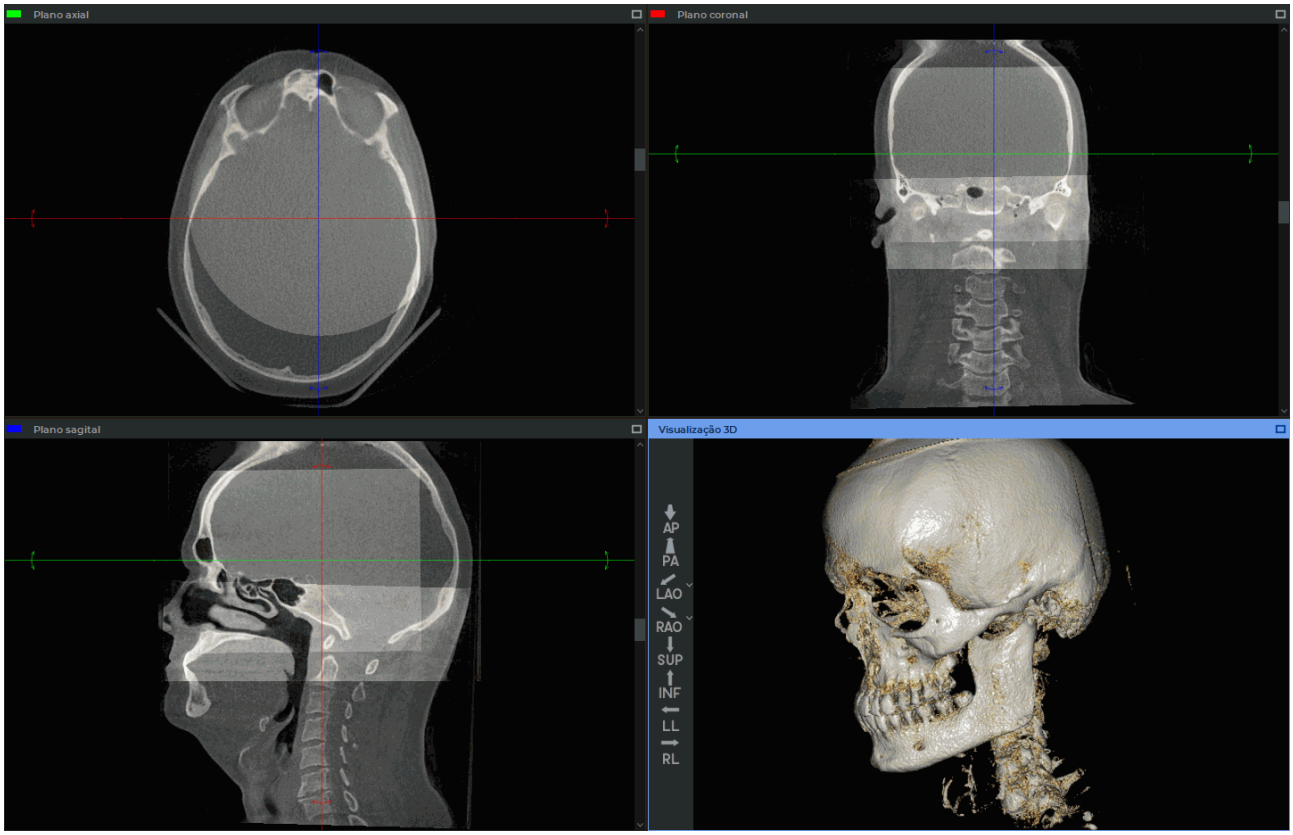


Figure 4.13: As loi são combinadas e a série combinada está pronta para ser «cosida»

Para exportar a série combinada para o estudo atual como uma nova série:

1. Abra a série mesclada na janela **«Reconstrução MPR»**.

2. Clique no botão **«Exportar»** no painel de estruturas segmentadas e selecione no menu pendente e selecione o item **«Exportar volume de costura»** (Fig. 4.14).

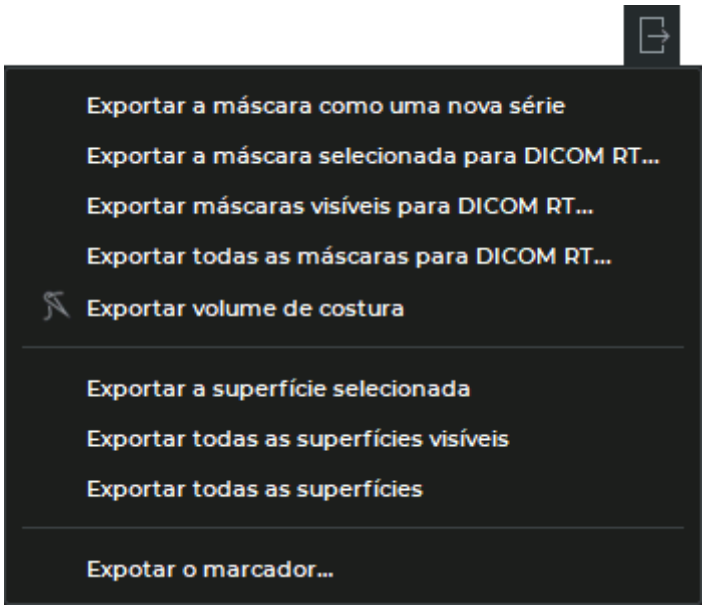


Figure 4.14: Exportar menu

3. Na janela de diálogo **«Opções de costura de volume»** (Fig. 4.15), adicione uma descrição da série a ser criada. Por defeito, a descrição é gerada automaticamente com base no modelo:
   stitching of <descrição da série da 1-camada > e ... <descrição da nova serie de camadas>

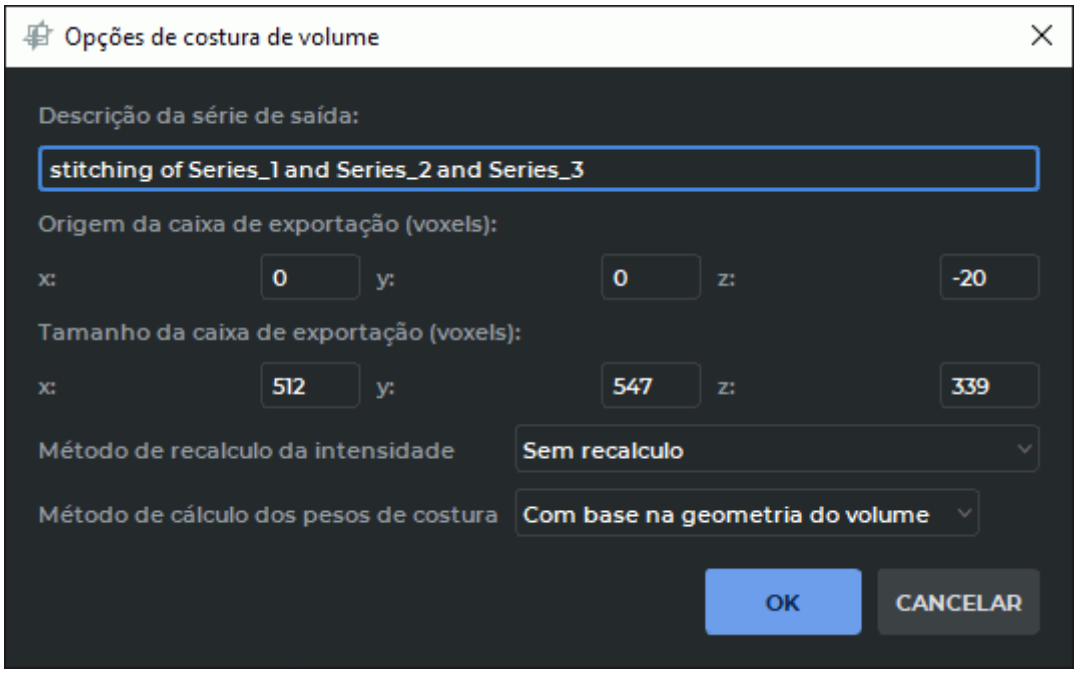


Figure 4.15: Diálogo para a definição dos parâmetros dos volumes de Costura

4. Definir a posição e os limites da área exportada em coordenadas da primeira camada (base). O tamanho da área exportada é calculado automaticamente e pode ser alterado pelo utilizador. A posição e os limites da área exportada são apresentados nas janelas do separador **«Reconstrução MPR»** e podem ser alterados ao editar valores numéricos.

   Intervalo de valores admissível para as coordenadas da posição da área exportada de -8192 a 8192, para coordenadas de limite — de 1 a 8192.

   Os limites da área exportada ao longo dos eixos «X» e «Y» são definidos com base no volume da camada de base.

5. Na lista pendente **«Método de recalculo da intensidade»** selecione um dos métodos de recálculo das intensidades dos volumes «cosidos»:

   - **«Sem recalculo»** (Sem redimensionamento);
   - **«Com base na janela de intensidade atual»**. O método define um intervalo de intensidades para todos os volumes, tendo em conta o valor atual da largura e do nível da janela (W/L).

   Se todos os volumes tiverem o mesmo intervalo de intensidade e a mesma modalidade, o método **«Sem recalculo»** é definido por defeito. Se os volumes forem «cosidos» de diferentes modalidades e/ou com diferentes intervalos de intensidade, o método **«Com base na janela de intensidade atual»** é definido por predefinição.

6. Na lista pendente **«Método de cálculo dos pesos de costura»** selecione um dos seguintes métodos:

   - **«Pesos iguais»**. Os voxels de todos os volumes têm os mesmos pesos;
   - **«Com base na visibilidade do volume»**. O peso de cada voxel de volume depende do nível de opacidade do volume da camada de base para o tipo de janela selecionado (MPR ou Modelo Volumétrico);
   - **«Com base na geometria do volume»**. O peso do voxel de cada volume é proporcional à distância até ao limite mais próximo deste volume.

   Se os volumes com a mesma modalidade forem «cosidos», o método **«Com base na geometria do volume»** é selecionado por predefinição. Caso contrário, o método Pesos iguais é selecionado por defeito **«Pesos iguais»**.

   Os valores dos métodos de recalculo da intensidade e de cálculo dos pesos de «costura» são definidos por defeito quando a janela de diálogo é aberta pela primeira vez «Opções de costura de volume». Ao abrir a caixa de diálogo pela próxima vez os métodos selecionados pelo utilizador são guardados.

7. Prima **«OK»**, para «coser» as camadas da série fundida numa só e exportar a nova série para o estudo atual, ou **«CANCELAR»** para cancelar. O procedimento de «costura» e exportação pode demorar algum tempo.

   Certifique-se de que todo o volume necessário é exportado.

A série exportada é guardada no armazenamento local como uma nova série. A miniatura da nova série é adicionada à série atual no painel de séries.

Se uma ou mais séries na fusão forem multifásicas, então a «costura» e a exportação é efetuada apenas para a fase atual.

Chapter 5

Reconstrução multiplanar (MPR)

O diagnóstico na janela Reconstrução Multiplanar só é possível com base em séries com as modalidades CT, MR, XA, MG

5.1 Abrindo uma análise na Janela de Reconstrução Multiplanar

Para abrir uma análise na janela de reconstrução multiplanar, faça o seguinte:

1. Carregue as análises no DICOM Viewer.

2. Destaque a análise desejada no painel de análises.

3. Clique no botão **«Reconstrução MPR»** na barra de ferramentas. Para selecionar a opção de posicionamento da aba desejada (na janela atual, em uma janela separada, no modo tela cheia), clique na seta no botão. Para abrir a janela de reconstrução multiplanar em uma nova aba na janela atual, clique no lado esquerdo do botão. O processo pode demorar algum tempo.

A janela de reconstrução multiplanar é mostrada na Fig. 5.1.

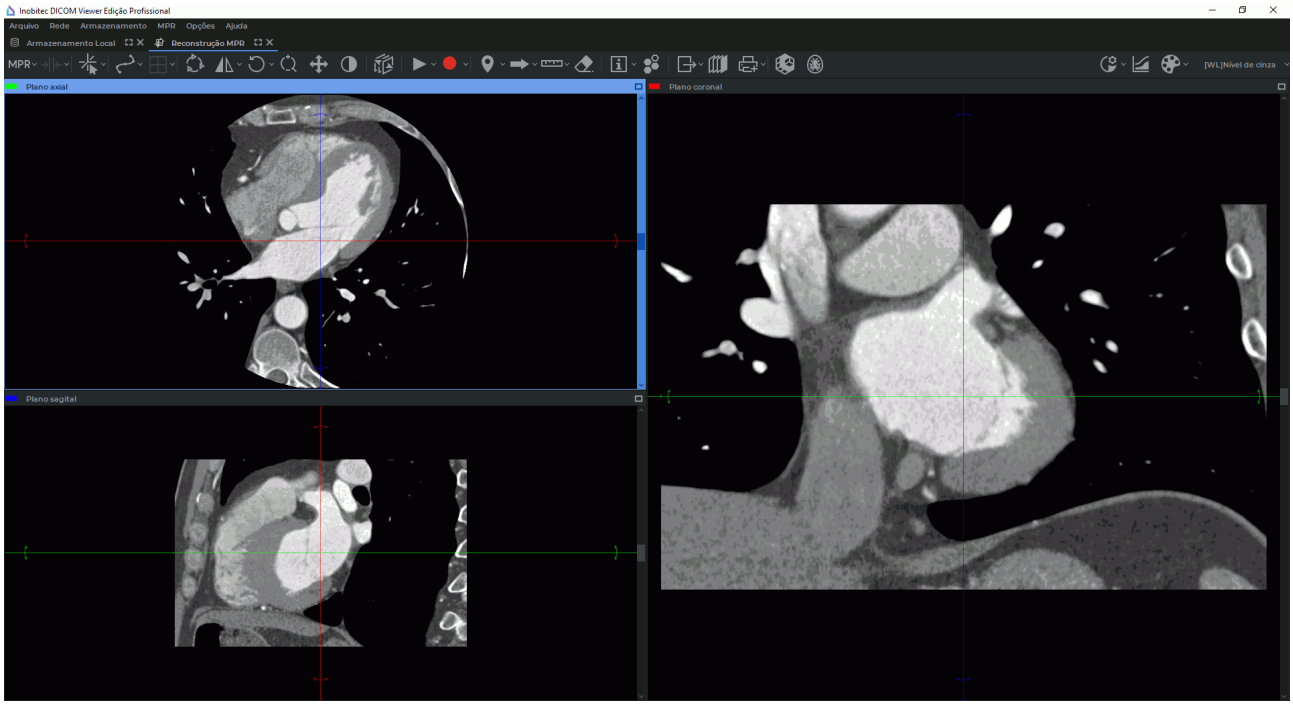


Figure 5.1: Aba de «Reconstrução MPR»

5.2 Elementos da representação do MPR

A aba exibe 3 visualizadores de imagens. O plano axial está localizado no canto superior esquerdo, o plano frontal à direita e o plano sagital no canto inferior esquerdo.

Este modelo de disposição de janela de plano seccional é definido por predefinição. Para obter informações sobre a seleção de outros modelos de colocação de janelas de planos seccionais, consulte a Secção 5.2.1.

Expandir qualquer uma das janelas de planos secantes do separador **«Reconstrução MPR»** Existem várias formas de restaurar o ecrã para ecrã inteiro e restaurar o seu tamanho:

- clique no botão ◻ **«Expandir»** no canto superior direito da janela.
- clique duas vezes com o botão esquerdo do mouse no título da janela.

Pode expandir para ecrã total e restaurar o tamanho da janela **«Visualização 3D»** utilizando o primeiro ou o segundo método.

O DICOM Viewer permite ao utilizador trocar as janelas do plano secante. Para o fazer, selecione a janela a mover, mova o cursor do rato sobre o título da janela e prima o botão esquerdo do rato para que o cursor se pareça com . Mantenha premido o botão esquerdo do rato e desloque a janela para a área da janela com a qual pretende troca-la.

O DICOM Viewer permite que você mova as bordas entre as janelas de visualização de imagens. Para fazer isso, mova o cursor do mouse sobre o separador para que se pareça com ou , e segurando o botão esquerdo do mouse, mova a borda.

A configuração do salvamento da configuração da janela é descrita na Seção 16.7.3.

A barra de ferramentas está localizada na parte superior esquerda (Fig. 5.2). Na parte superior direita está o painel de configurações de visualização (Fig. 5.3).

Figure 5.2: Barra de ferramentas

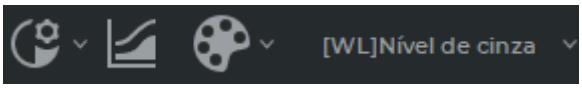


Figure 5.3: Painel de configurações de visualização

Para abrir uma análise na janela de reconstrução 3D na aba **«Reconstrução MPR»**, clique no botão **«3D»** na barra de ferramentas. A janela de **«Visualização 3D»** que se abre exibe um modelo tridimensional e contém um painel de orientações espaciais padrão do modelo (para mais detalhes, consulte a Seção 3.3).

5.2.1 Definir a localização das janelas do plano seccional

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite ao utilizador personalizar a localização das janelas do plano seccional no separador **«Reconstrução MPR»**. O modelo é selecionado no menu do botão de configuração da colocação da janela do plano seccional.

O botão para definir o modelo de colocação de janelas de planos secantes em função do modelo selecionado tem a seguinte forma: , , , , , , , , ou .

Para definir o padrão de colocação da janela, clique na seta do lado direito do botão ou no botão de definições de colocação da janela do plano secante. No menu pendente (Fig. 5.4) selecione:

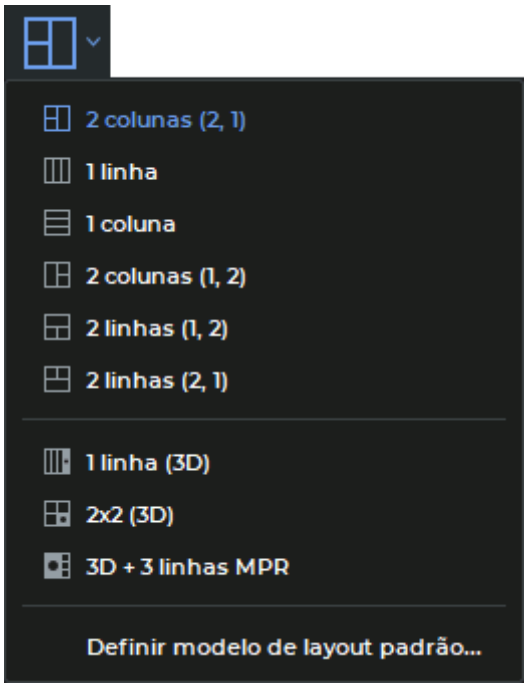


Figure 5.4: Seleção de um modelo de apresentação de janela

- **2 colunas (2, 1)**. As janelas dos planos secantes estão dispostas em duas colunas. Existem duas janelas na coluna da esquerda e uma janela na coluna da direita. O modelo é definido por defeito;
- **1 linha**. Três janelas dos planos secantes estão dispostas numa fila:
- **1 coluna**. As três janelas dos planos secantes estão dispostas numa coluna vertical coluna;
- **2 colunas (1, 2)**. As janelas dos planos secantes estão dispostas em duas colunas.Há uma janela na coluna da esquerda e duas na coluna da direita;
- **2 rows (1, 2)**. As janelas dos planos secantes estão dispostas em duas filas. Na fila superior tem uma janela, a fila inferior tem duas janelas;
- **2 linhas (1, 2)**. As janelas dos planos secantes estão dispostas em duas filas. Na fila superior tem duas janelas, a fila inferior tem uma janela;
- **1 linha (3D)**. As três janelas dos planos secantes da reconstrução multi-planar e a janela **«Visualização 3D»** estão dispostas numa linha.
- **2x2 (3D)**. As janelas dos planos secantes estão dispostas em duas colunas. Na coluna da esquerda contém duas janelas de planos secantes, a coluna da direita contém uma janela de planos secantes e uma janela **«Visualização 3D»**;
- **3D + 3 linhas MPR**. A janela **«Visualização 3D»** está localizada na coluna da esquerda. Na coluna da direita encontram-se janelas de planos dispostas verticalmente.

A disposição atual da janela é realçada a azul na barra de ferramentas e no menu na cor azul.

Para alterar o padrão atual de disposição das janelas para um padrão **2x2 (3D)** , clique no botão **«3D»** na barra de ferramentas. Para voltar ao modelo de disposição de janelas previamente selecionado, clique novamente no botão **«3D»** na barra de ferramentas.

Para definir o modelo de apresentação de janela predefinido, clique na seta do lado direito do botão de seleção do modelo selecione **«Definir modelo de layout padrão...»** no menu pendente.

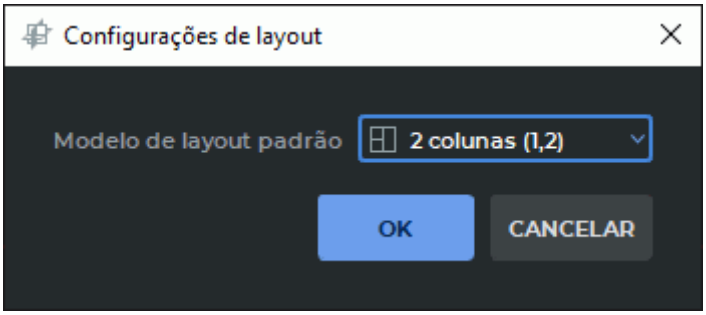


Figure 5.5: Janela de diálogo para selecionar o modelo predefinido de apresentação da janela

Na caixa de diálogo que se abre (Fig. 5.5), selecione a apresentação predefinida da janela a partir da lista. Clique em **«OK»** para guardar ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

Da próxima vez que abrir a série no separador **«Reconstrução MPR»**, será aplicada a disposição de janelas predefinida com base no modelo. A disposição da janela com base no modelo predefinido que foi selecionado.

Quando se muda para o modo de reconstrução curvilíneo, as opções de colocação de janelas de planos secantes são substituídas pelas opções de posicionamento de cortes de reconstrução curvilínea (consulte a Seção 5.7.6).

5.3 Filtros de interpolação

Para alterar o filtro de interpolação, selecione o comando **«Filtro de interpolação»** na seção **«MPR»** do menu principal e selecione o filtro desejado no submenu aberto. O filtro atual é indicado por um sinalizador.

Os seguintes filtros estão disponíveis para seleção:

- Bilinear;
- B-spline;
- Filtro de Mitchel;
- Filtro de Catmull-Rom;
- Filtro de Lanczo(3);

- Filtro de Lanczo(5);
- Filtro de Lanczo(7).

O filtro bilinear é definido por padrão.

Ao usar filtros diferentes dos bilineares, a distorção é possível. Se aparecerem artefatos suspeitos, você deve habilitar o filtro bilinear.

5.4 Filtros de imagem

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

A operação com filtros no separador **«Reconstrução MPR»** é semelhante à operação no separador **«Visualizador de imagens»** (ver Secção 2.6), com exceção de duas diferenças:

- para aplicar um filtro no separador **«Reconstrução MPR»**, selecionar o menu principal**MPR**->**Filtros**. O filtro atual é destacado na lista de filtros a azul e marcado com uma bandeira;
- no separador **«Reconstrução MPR»**, o filtro é aplicado a todas as janelas do plano seccional e à janela de desdobramento.

5.5 Trabalhando com planos ortogonais

5.5.1 Modos de exibição

Ao clicar no botão **«Alterar modo de navegação»**, selecione um dos 3 modos de exibição:

1. Modo de cursor 3D. Permite mover e girar planos de corte ortogonais com o mouse. O botão **«Alterar modo de navegação»** se parece com. .
2. Modo de cursor 3D no clique do mouse. Permite mover planos de corte ortogonais com o mouse, semelhante ao modo de cursor 3D, mas as linhas dos planos são visíveis na tela apenas durante o movimento (quando o botão esquerdo do mouse é pressionado). O botão **«Alterar modo de navegação»** assume a aparência .
3. Modo de planos secantes. Os planos de seção são exibidos permanentemente na tela. A movimentação de planos é descrita na próxima seção. A rotação de planos é semelhante à rotação no modo de cursor 3D e é descrita na Seção 5.5.2. O botão **«Alterar modo de navegação»** muda para .

Em todos os modos de exibição, o plano atual se move de várias maneiras:

- Girando a roda do mouse. Afastando a roda do mouse de você, o plano se afasta, em direção a você, se aproxima. 1 clique da roda muda a posição em 1 distância igual à espessura do corte para a série original.
- Usando a barra de rolagem no lado direito da janela da série. Mova o controle deslizante da barra de rolagem para mover o plano.
- Com a ferramenta de **«Rolar»**. Ative a ferramenta clicando no botão com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse e mova o cursor para cima para afastar o plano e para baixo para aumentar o zoom, mantendo pressionado o botão do mouse com o qual a ferramenta foi ativada. Consulte a Seção 1.14.

5.5.2 Trabalhando com planos no modo de cursores 3D

Para mover planos ortogonais, clique com o botão esquerdo no ponto onde deseja mover os planos ou mova o mouse enquanto mantém pressionado o botão esquerdo. Quando o botão é solto, os planos são fixados em sua posição atual.

Para girar um plano enquanto mantém a ortogonalidade, faça o seguinte:

1. Mova o cursor do mouse sobre a seta radial bidirecional na linha plana (na Fig. 5.6 são mostrados com setas vermelhas). A seta de duas pontas é destacada com uma cor mais clara.
2. Mantenha pressionado o botão esquerdo do mouse e mova o cursor para girar no ângulo desejado. Nesse caso, as imagens em outros planos serão alteradas.
3. Solte o botão esquerdo do mouse. O plano é fixado em sua posição atual.

A rotação do plano sem preservar a ortogonalidade é realizada da mesma forma com a tecla **Shift** pressionada.

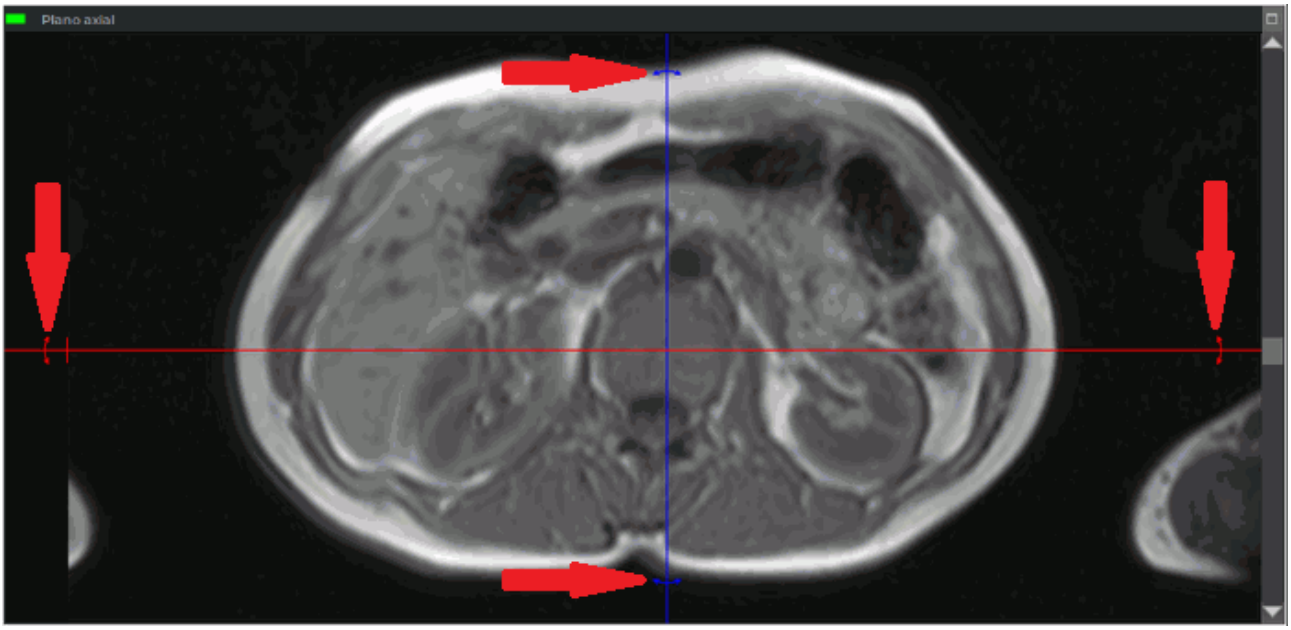


Figure 5.6: Girar um plano ortogonal

Para cancelar a rotação de todos os planos, clique no botão **«Redefinir orientação da vista»** na barra de ferramentas .

Observe que todas as outras alterações de exibição são redefinidas ao mesmo tempo.

5.5.3 Trabalhando com planos no modo de planos de seção

O DICOM Viewer permite que você mova os planos um a um nas janelas de visualização de imagens. Para fazer isso, siga estas etapas:

1. Mova o cursor sobre a linha plana para que fique clara.
2. Enquanto mantém pressionado o botão esquerdo do mouse, mova a linha com o botão esquerdo do mouse pressionado.

Percorra as imagens em qualquer janela para ver como o plano na seção em que a imagem atual está localizada se move em outras janelas.

Para facilitar a visualização, amplie a imagem girando a roda do mouse enquanto mantém pressionada a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS).

O posicionamento das imagens nas janelas de visualização de planos de seção ocorre de duas maneiras:

1. Mova o mouse com a roda pressionada enquanto mantém pressionada a tecla **«Shift»** do teclado. Este atalho de teclado é definido por padrão. Você pode desativar ou alterar a vinculação na aba **«Controladores»** do módulo **«Visualizador de imagens»** (consulte a Seção 16.7.1).
2. Ative a ferramenta **«Deslocar»** clicando no botão com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para continuar trabalhando com a ferramenta, use o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Consulte a Seção 1.14. Para mover a imagem, mova o cursor na tela enquanto mantém pressionado o botão do mouse.

A ferramenta também está disponível no menu de contexto da imagem e na seção **«MPR»** do menu principal.

5.6 Sincronizar as séries nos separadores «Reconstrução MPR»

A sincronização das séries permite visualizar simultaneamente as séries de um ou vários estudos. A comparação de séries efetuadas em momentos diferentes permite avaliar alterações e aumenta a precisão do diagnóstico. As comparações de séries podem ser efectuadas nos separadores **«Reconstrução MPR»**.

Para comparar séries, abra-as nos separadores **«Reconstrução MPR»**. Os separadores podem ser colocados:

- na janela principal do programa ou separados dela;
- no mesmo monitor ou em monitores diferentes. Os monitores podem ter diferentes tamanhos e diferentes (escala, resolução, luminosidade, contraste, etc.).

Para ativar a sincronização, clique no botão **«Sincronizar séries»** . A sincronização permite-lhe alterar de forma síncrona a largura e o nível da janela (W/L),mover, ampliar e deslocar imagens de diferentes séries nas janelas de planos secantes. A sincronização está desativada por defeito. Se a sincronização estiver ativada e o utilizador abrir um novo separador, o novo separador é sincronizado com o separador anteriormente aberto.

Para configurar as vistas e o modo de sincronização, siga os passos abaixo:

1. Clique na seta do lado direito do botão **«Sincronizar séries»** na barra de ferramentas.
2. No menu pendente (Fig. 5.7) do botão , selecione as vistas e os modos de sincronização:

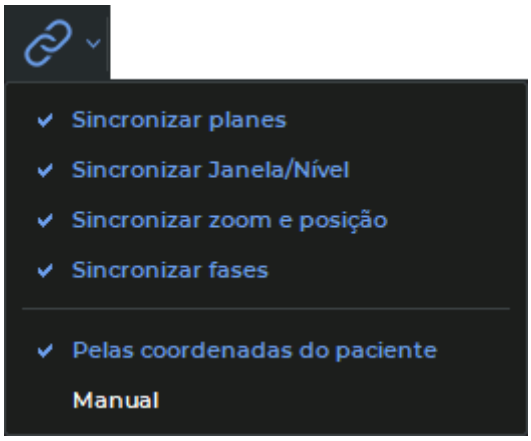


Figure 5.7: Menu do botão **Sincronizar séries**

- **«Sincronizar planes»**. Os planos e os ângulos de rotação dos planos ortogonais nas janelas de registo **«Reconstrução MPR»** («Plano axial», «Plano coronal» e «Plano sagital») são sincronizados. As outras janelas dos separadores **«Reconstrução MPR»** não estão sincronizadas;
  - no modo **«Pelas coordenadas do paciente»** a sincronização é efetuada apenas para séries com o mesmo valor da etiqueta *frameOfReferenceUid* são sincronizadas. Se a sincronização estiver ativada, os planos ortogonais do separador aberto são sincronizados com os planos do separador anteriormente aberto;
  - no modo **«Manual»** as séries com diferentes valores de etiqueta *frameOfReferenceUid*. As janelas de visualização sincronizada e de sincronização são iguais no sistema de coordenadas do doente. A rotação dos planos nas janelas sincronizadas é efetuada em torno da a linha de intersecção de planos ortogonais pelo mesmo ângulo;
- **«Sincronizar Janela/Nível»**. A sincronização da largura da janela e da mudança de nível (W/L) é efetuada para séries com a modalidade de **CT**. Para séries com outra modalidade a sincronização só é efetuada se as modalidades dessas séries e os valores recomendados de largura e nível da janela (W/L) forem os mesmos. As séries com modalidades diferentes não são sincronizadas. O modo selecionado não afeta o funcionamento deste tipo de sincronização.

Se a sincronização estiver ativada, os valores da largura e do nível da janela (W/L) do separador aberto são alinhados com os valores do separador anteriormente aberto.

A sincronização de séries fundidas é efetuada por camadas. As camadas são sincronizadas por número de camada (a primeira camada é sincronizada com a primeira, a segunda — com a segunda, etc.);

- **«Sincronizar zoom e posição»**. Sincroniza o zoom e a deslocação da imagem nas janelas do separador **«Reconstrução MPR»** («Plano axial», «Plano coronal» e «Plano sagital»). As outras janelas dos separadores **«Reconstrução MPR»** não estão sincronizadas. A sincronização das séries fundidas é efetuada com base nos dados das primeiras camadas da série. O funcionamento deste tipo de sincronização depende do modo selecionado.

  - no modo **«Pelas coordenadas do paciente»**:

    * a sincronização é efetuada apenas para séries com o mesmo valor da etiqueta *frameOfReferenceUid*;

    * são tidos em conta os tamanhos reais das imagens. Os objetos em cortes,com o mesmo tamanho são apresentados de forma idêntica;

    * os centros das janelas são sincronizados. No centro da janela existe um ponto de projeção do centro da janela de sincronização no plano de corte da janela sincronizada.

    * se a sincronização estiver ativada, a escala e a posição da imagem do separador aberto é sincronizada com a escala e a posição do separador anteriormente aberto;

  - no modo **«Manual»**:

    * o tamanho real da imagem é tido em conta. Os objetos em cortes com o mesmo tamanho são apresentados da mesma forma;

    * se o centro da janela de sincronização for deslocado, o centro da janela de sincronização é deslocado na mesma distância;

    * se a sincronização estiver ativada, a escala do separador aberto é sincronizada com a escala do separador anteriormente aberto. Sincronização é efetuada com base na alteração da posição do fatia de sincronização;

- **«Sincronizar fases»**. As fases da imagem são sincronizadas por número. Se a série de sincronização tiver um número de fases superior ao número de fases da série sincronizada. Se o número de fases da série sincronizada for superior ao número de fases da série sincronizada, a série sincronizada é definida para a fase com o número máximo. A seleção do modo não afeta o funcionamento deste tipo de sincronização.

5.7 Reconstrução curvilínea

5.7.1 Construção de superfície

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A reconstrução curvilínea é um corte de tecidos por uma superfície curva, cuja configuração é dada por uma trajetória que passa pelo meio dessa superfície. Essa trajetória será chamada de **curva**.

Para ativar o Modo de reconstrução curvilínea, clique no botão **«Modo de curva»** . Para retornar ao modo de reconstrução multiplanar, pressione o botão **«Modo de curva»** novamente. Uma curva construída no modo de reconstrução curvilínea não é exibida no modo de **«Reconstrução MPR»**.

Para construir uma superfície, faça o seguinte:

1. Selecione um plano no qual seja mais conveniente começar a construir uma curva.

2. Gire a roda do mouse para selecionar a camada onde o primeiro ponto deve estar.

3. Coloque o ponto de partida na imagem clicando neste local com o botão esquerdo do mouse.

4. Se necessário, vá para outra camada girando a roda do mouse.

5. Mova o mouse para selecionar onde o próximo ponto na curva deve estar. Coloque um ponto clicando com o botão esquerdo do mouse. O ponto aparecerá na camada atual.

6. Repita os passos 4, 5 até definir o penúltimo ponto.

7. Coloque o ponto final clicando duas vezes com o botão esquerdo do mouse. Durante a construção, a seção atual da superfície é exibida no canto inferior direito da janela. Outras janelas exibem projeções da curva nos planos correspondentes (Fig. 5.8).

8. Se necessário, ajuste as projeções da curva nos outros dois planos. O ajuste é descrito na Seção 5.7.4.

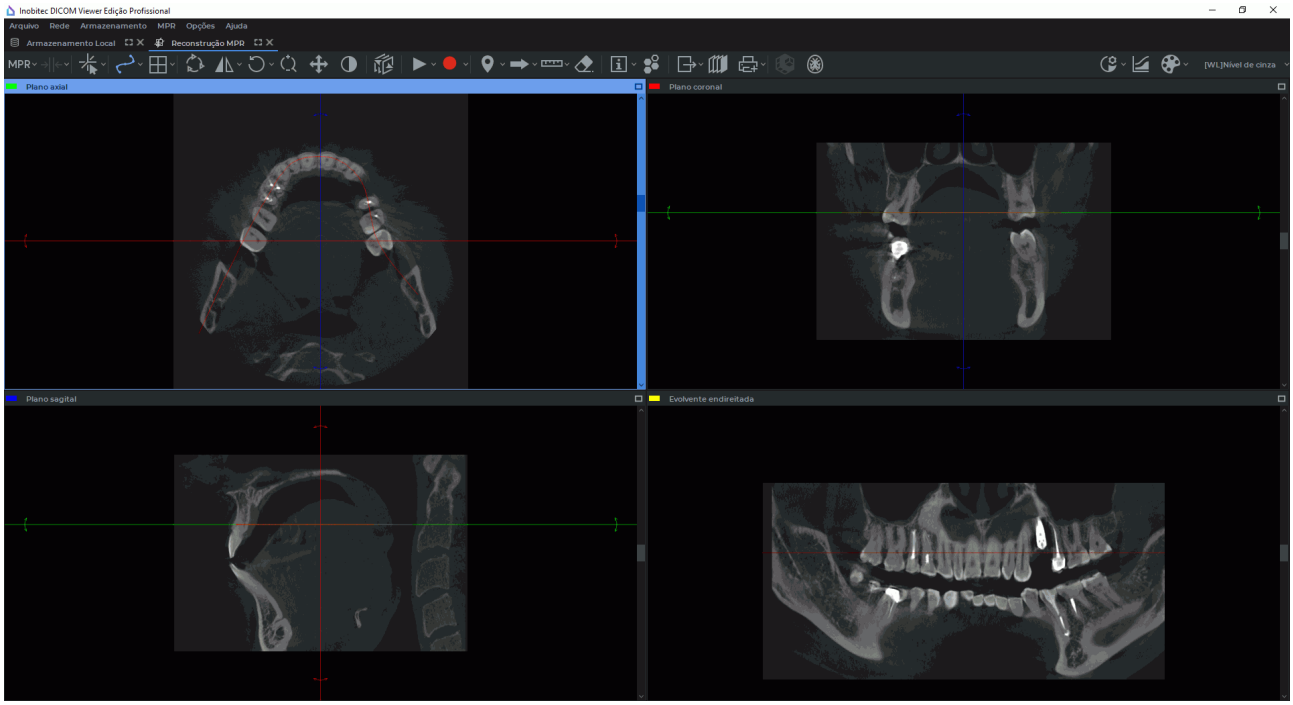


Figure 5.8: Reconstrução curva

Expandir qualquer uma das janelas de planos secantes do separador **«Reconstrução MPR»** Existem várias formas de restaurar o ecrã para ecrã inteiro e restaurar o seu tamanho:

- clique no botão ◻ **«Expandir»** no canto superior direito da janela.
- clique duas vezes com o botão esquerdo do mouse no título da janela.

Pode expandir para ecrã total e restaurar o tamanho da janela **«Evolvente»** utilizando o primeiro ou o segundo método.

5.7.2 Selecionando a opção para exibir o desdobramento da curva

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Clique na seta no botão **«Modo de curva»** e no menu do botão (Fig. 5.9), selecione a opção para exibir o desdobramento da curva. A versão atual da exibição do desdobramento é marcada com um sinalizador.

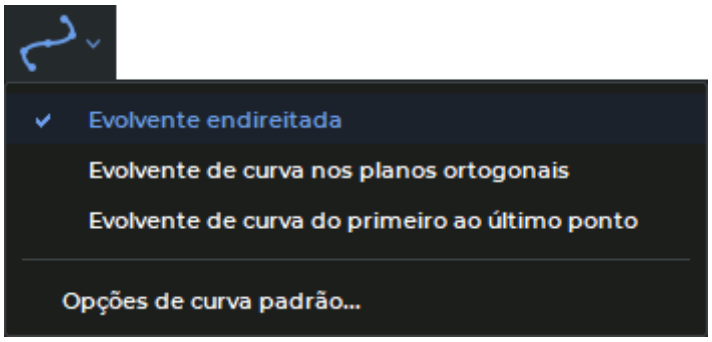


Figure 5.9: Menu do botão «Modo de curva»

- **«Evolvente endireitada»**. Instalado por padrão. Na janela de desdobramento retificada (Fig. 5.10) a curva construída pelo usuário é convertida em reta. As distorções de espaço ao longo da curva são mínimas e aumentam com a distância da curva. Recomenda-se usar esse desdobramento quando a região de interesse estiver muito próxima da curva. O desdobramento fornece o máximo de detalhes ao redor da curva;

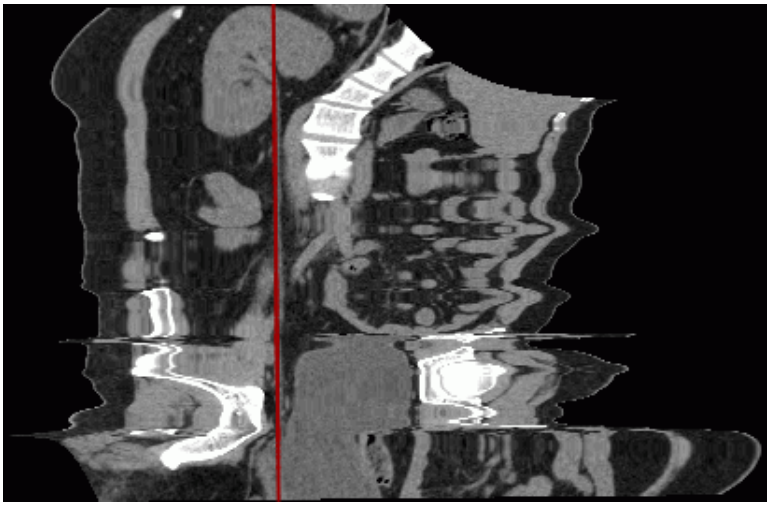


Figure 5.10: Exibição de uma curva no modo de evolvente endireitada

- **«Evolvente de curva nos planos ortogonais»** (Fig. 5.11). Em contraste com a «Evolvente endireitada» há menos distorção de espaço longe da curva, mas também o detalhe do espaço perto da curva é menor. Depende menos da posição dos pontos na curva, em contraste com «Evolvente de curva do primeiro ao último ponto». É usado nos casos em que é necessária uma varredura o mais semelhante possível a uma projeção ortogonal. A escolha de uma projeção ortogonal é feita automaticamente de forma a maximizar o detalhe do espaço próximo à curva. Apesar disso, o detalhe em torno da curva é mínimo em comparação com outros desdobramentos;

Figure 5.11: Desdobramento de uma curva em planos ortogonais

- **«Evolvente de curva do primeiro ao último ponto»** (Fig. 5.12). Em comparação com o «Evolvente endireitada», a distorção do espaço longe da curva não é grande, mas o espaço próximo à curva é menos detalhado. O desdobramento é altamente dependente da posição do primeiro e do último ponto da curva. O espaço ao redor da curva é mais detalhado do que no «Evolvente de curva nos planos ortogonais».

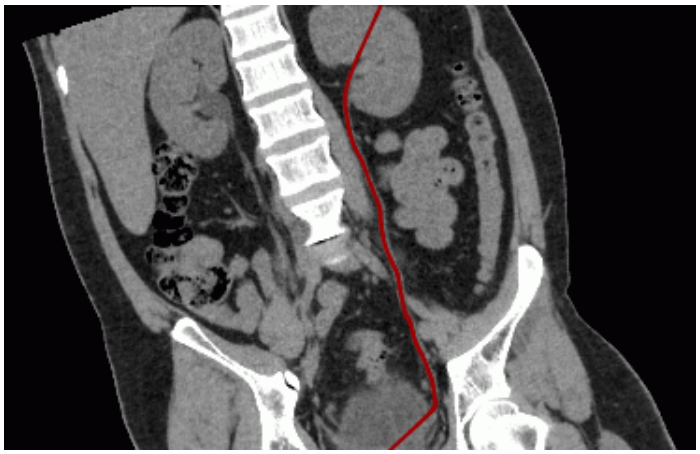


Figure 5.12: Desenvolvimento da curva do primeiro ao último ponto

A opção selecionada para exibir o desdobramento da curva é exibido na próxima vez que você ativar o modo de reconstrução curvilínea.

No modo **«Evolvente endireitada»**, as ferramentas **«Régua»**, **«Régua poligonal»**, **«Medição angular»** e **«Ângulo de Cobb»** não estão disponíveis na janela desdobramento.

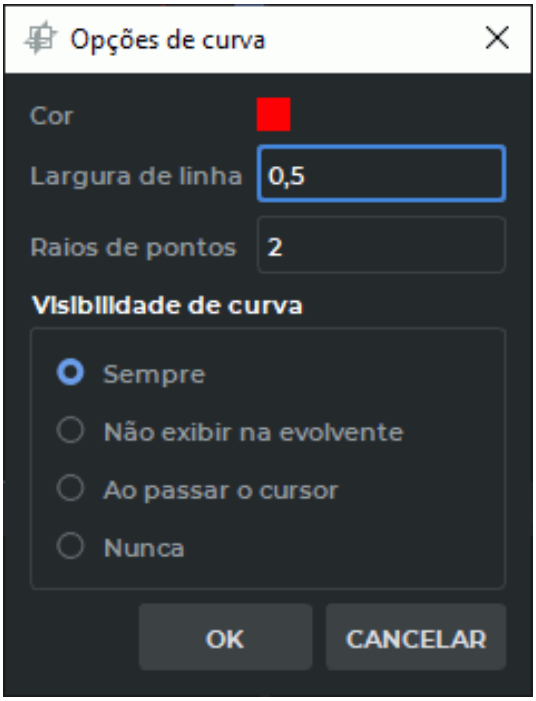
5.7.3 Configuração de curva

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

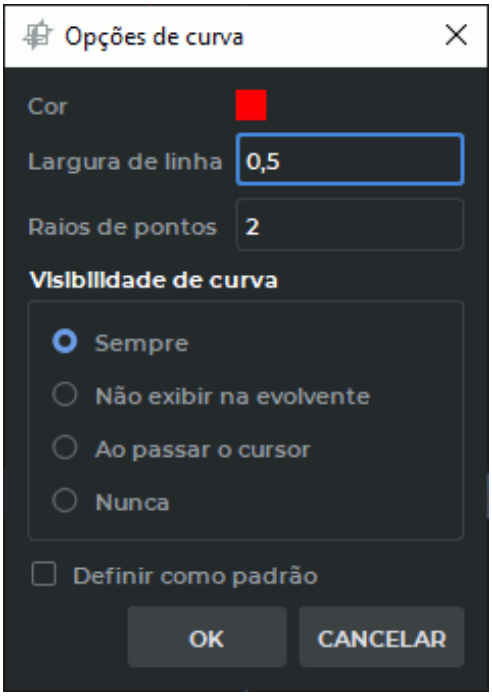
Os parâmetros de curva são configurados na caixa de diálogo **«Opções de curva»** (Fig. 5.13). A aparência e a funcionalidade da caixa de diálogo **«Opções de curva»** dependem de como você a abre. A caixa de diálogo para definir os parâmetros da curva pode ser acessada de duas maneiras:

1. Na barra de ferramentas, clique na seta no botão **«Modo de curva»** e selecione o comando **«Opções de curva padrão...»** no menu do botão. Abre-se a caixa de diálogo mostrada na Fig. 5.13 «a».

2. Mova o cursor do mouse sobre uma curva ou um ponto em uma curva, pressione o botão direito do mouse e selecione o comando **«Opções de curva...»** no menu que se abre. Abre-se a caixa de diálogo mostrada na Fig. 5.13 «b».



a)



b)

Figure 5.13: Definindo os parâmetros da curva

As seguintes configurações são definidas:

- **cor**;
- **espessura da linha** em pixels;
- **raios do ponto da curva** em pixels.

O modo de visibilidade da curva é definido:

- **Sempre**. Durante a construção, a curva é exibida em todas as janelas de projeções de planos da aba e na janela de desenvolvimento. Após a construção, a curva é exibida constantemente em todas as janelas de projeções de planos da aba e na janela de desenvolvimento. O modo é definido por padrão;
- **Não exibir na evolvente**. Durante o processo de construção, a curva é exibida em todas as janelas dos planos de projeção da aba, exceto na janela de desdobramento. Após a construção, ela é constantemente exibida em todas as janelas dos planos de projeção da aba, exceto na janela de desenvolvimento;
- **Ao passar o cursor**. Durante a construção, a curva é exibida em todas as janelas de projeções de planos da aba e na janela de desdobramento. Após a construção, a curva é exibida em todas as janelas de projeções dos planos da aba e na janela de desdobramento, se o cursor do mouse estiver posicionado sobre ela;
- **Nunca**. No processo de construção, a curva é exibida em todas as janelas de projeções de planos da aba e na janela de desdobramento. Após a construção, a curva não é exibida. Para habilitar a exibição da curva, marque um modo de visibilidade de curva diferente.

Se a caixa de diálogo **«Opções de curva»** for chamada a partir do menu do botão **«Modo de curva»** (Fig. 5.13 «a»), as configurações são sempre aplicadas por padrão à curva.

Se você definir a opção **«Definir por padrão»** na caixa de diálogo **«Opções de curva»**, aberto no menu de contexto da curva (Fig. 5.13 «b»), essas configurações serão usadas por padrão ao construir a curva.

Pressione **«OK»** para aplicar as configurações de curva ou **«CANCELAR»** para cancelar.

5.7.4 Ações com a Curva

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

As operações de curva são executadas apenas se o modo Reconstrução curvilínea estiver ativado.

É permitido fazer o seguinte:

- Mover ponto. Mova o cursor do mouse para o ponto e, segurando o botão esquerdo do mouse, mova o ponto. Em seguida, solte o botão do mouse.
- Adicionando um ponto. Para fazer isso, mova o cursor do mouse sobre a curva no local onde o ponto é necessário. Clique com o botão direito do mouse e selecione **«Adicionar ponto»**.
- Apagar um ponto. Para fazer isso, mova o cursor do mouse sobre o ponto. Clique com o botão direito do mouse e selecione **«Remover ponto»**.
- Continuação da curva. Para fazer isso, mova o cursor do mouse sobre um dos pontos de limite da curva. Clique com o botão direito do mouse e selecione **«Continuar curva»**. Depois disso, siga os passos 3, 4 do algoritmo de construção da curva.

- Excluir curva. Para fazer isso, mova o cursor do mouse sobre a curva ou ponto na curva. Clique com o botão direito do mouse e selecione **«Remover curva»**.

5.7.5 Localização da curva, seus nós e superfície no espaço

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Pela cor da curva, você pode determinar qual parte está na frente da imagem atual no espaço. Esta parte da curva tem uma cor mais clara do que a parte atrás da imagem.

Na Fig. 5.14 a parte central e o terceiro ponto da esquerda de uma cor mais clara. Isso significa que eles estão na frente da seção especificada.

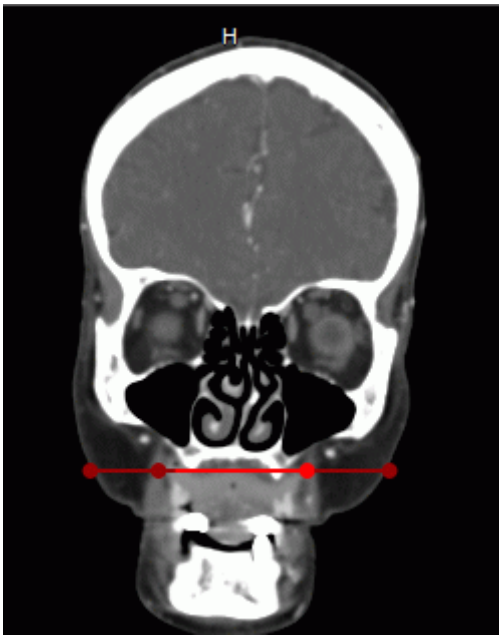


Figure 5.14: Localização da curva e seus nós no espaço em relação ao corte atual

Para facilitar a localização de algum nó da curva em todas as projeções, mova o cursor do mouse até ele. Este nó aumenta de tamanho em todas as projeções.

Para girar a superfície em relação à curva, mova o cursor do mouse para a janela inferior direita (**«Evolvente»**) e gire a roda do mouse.

Para mover a interseção dos planos para o ponto selecionado da curva, mova o cursor do mouse para o ponto selecionado na curva na janela destacada. Clique com o botão esquerdo do mouse enquanto mantém pressionada a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) do teclado. O ponto de interseção dos planos se move para o ponto especificado na curva em todas as projeções.

5.7.6 Modo de Seções de Reconstrução Curvilínea

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O modo de seção de reconstrução curvilínea destina-se à visualização de seções por planos perpendiculares à curva construída e organizados sequencialmente com um determinado intervalo.

A ativação do modo de visualização de seções é possível se estiver habilitado o modo de reconstrução curvilínea e construída uma curva. Para ativar o modo de reconstrução curvilínea, clique no botão **«Modo de curva»** .

Para selecionar um modelo de layout de janela em uma aba, clique na seta no botão ou no botão **«Alterar modelo de layout»** e escolha um dos itens (Fig. 5.15):

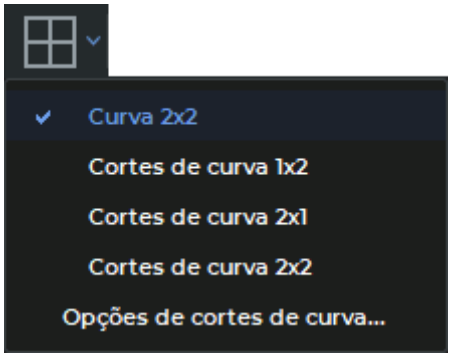


Figure 5.15: Selecionando um modelo de poscionamento

- **Curva 2x2**. A aba **«Reconstrução MPR»** exibe três janelas de planos de corte de reconstrução multiplanar e a janela **«Evolvente»**. O modo é definido por padrão;
- **Cortes de curva 1x2**. A aba é dividida em 2 janelas. A janela **«Evolvente»** colocada na parte superior da aba e a janela de corte **«Cortes de curva»** na parte inferior;
- **Cortes de curva 2x1**. A aba é dividida em 2 janelas. A janela **«Evolvente»** está localizada no lado esquerdo da aba, e a janela da seção **«Cortes de curva»** está à direita;
- **Cortes de curva 2x2**. A aba é dividida em 4 janelas. A janela do plano axial e a janela de reconstrução volumétrica estão localizadas no lado esquerdo da aba, enquanto a janela de desdobramento e a janela da seção estão localizadas no lado direito da aba.

As configurações do modelo de posicionamento da janela serão aplicadas na próxima vez que você ativar o **«Modo de curva»** curvilínea.

Expandir qualquer uma das janelas de planos secantes do separador **«Reconstrução MPR»** Existem várias formas de restaurar o ecrã para ecrã inteiro e restaurar o seu tamanho:

- clique no botão **«Expandir»** no canto superior direito da janela.

- clique duas vezes com o botão esquerdo do mouse no título da janela.

Pode expandir para ecrã total e restaurar o tamanho da janela **«Evolvente»**, **«Visualização 3D»** e **«Cortes de curva»** utilizando o primeiro ou o segundo método.

Se a janela de reconstrução de volume ou o painel de segmentação estiver aberto na aba, as ferramentas de edição de volume ficarão disponíveis.

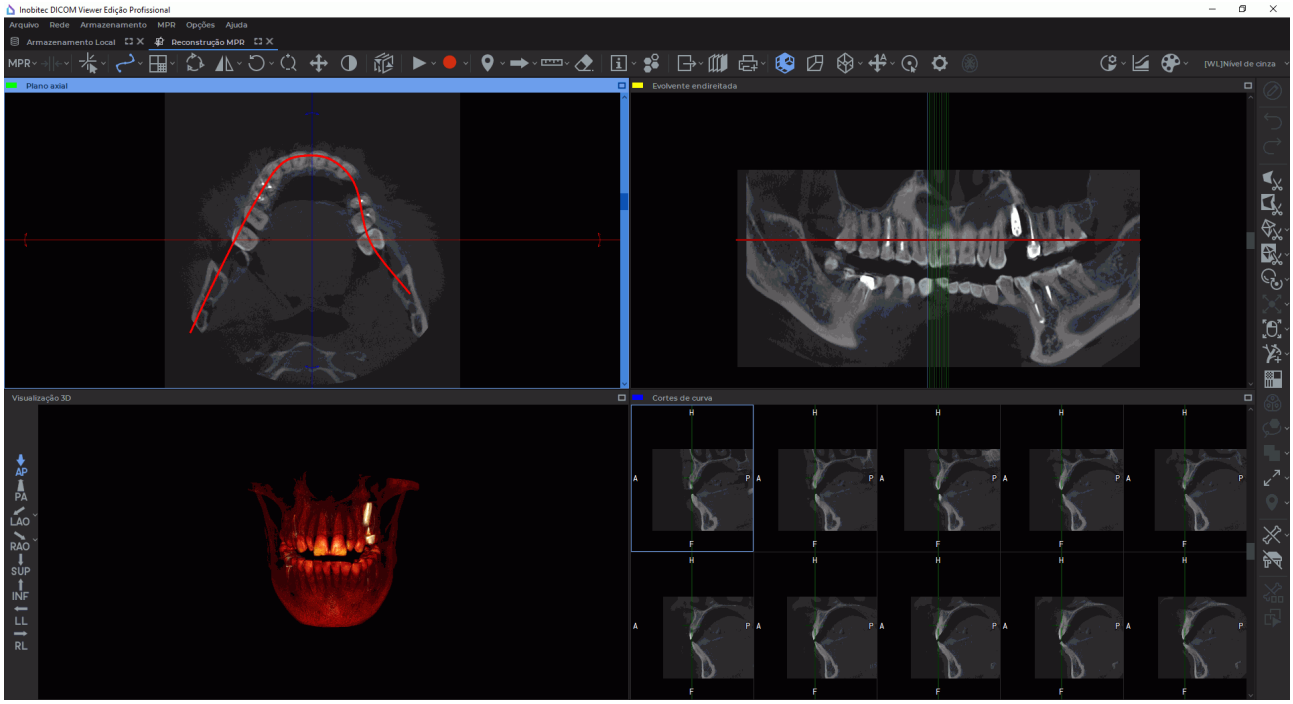


Figure 5.16: Modo «Cortes de curva 2x2»

A janela achatada exibe uma curva desdobrada e projeções de corte por planos secantes perpendiculares à curva. Quando você passa o cursor do mouse sobre uma das projeções na janela de varredura, a projeção e sua seção correspondente são realçadas em cores. O ponto de interseção do plano de corte com a curva é exibido na janela de corte com uma cruz.

Para girar a varredura em torno da curva, coloque o cursor do mouse na janela de varredura e gire a roda do mouse ou mova a barra de rolagem na janela de varredura.

Para mover os planos de corte ao longo de uma curva, coloque o cursor do mouse na janela da seção e gire a roda ou mova a barra de rolagem na janela da seção.

Para mover planos de corte automaticamente, ative a ferramenta **«Executar»** ▶ (veja a Seção 5.10).

Para definir os parâmetros das seções da curva, clique na seta no botão ou o botã **«Alterar modelo de layout»** ⊞ e selecione **«Opções de cortes de curva...»** (Fig. 5.17).

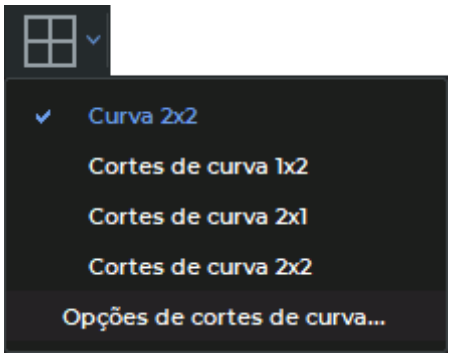


Figure 5.17: Abrindo o diálogo de configuração dos parâmetros das seções da curva

Na caixa de diálogo aberta (Fig. 5.18) se necessário, marque os seguintes parâmetros:

- tamanho da grade da janela de divisão exibida. Selecione uma das opções para o número de linhas e colunas da tabela na janela as seções em que as seções são exibidas (5x2 ou 3x3);
- distância entre as seções em milímetros;
- passo de rolagem. Selecione uma das opções **«Automaticamente»** (neste caso, o passo é igual a um voxel) ou marque manualmente o valor em milímetros;
- espessura da linha do plano de corte e cruz em pixels;
- cor das linhas do plano de corte;
- deslocamento da cruz em pixels. Marque a distância das linhas que formam a cruz no seu centro imaginário;
- tamanho da cruz em pixels.

Se a opção **«Definir por padrão»** estiver definida, essas configurações serão usadas por padrão ao alternar para o modo de seções da curva.

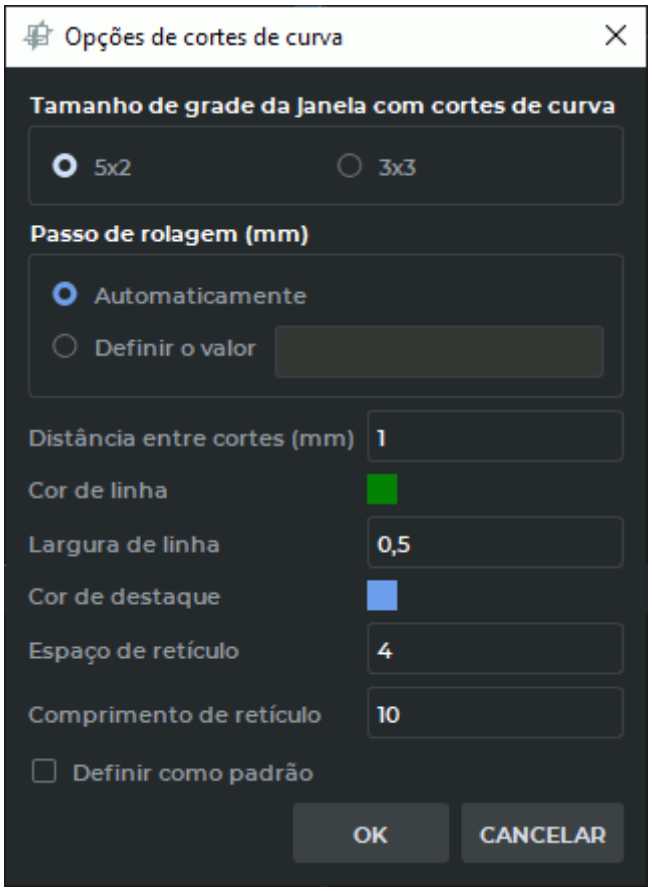


Figure 5.18: Parâmetros de seções da curva

O diálogo **«Opções de cortes de curva»** pode ser chamado a partir do menu de contexto de duas maneiras:

1. Mova o cursor do mouse sobre um dos planos de corte na janela de desdobramento. Clique com o botão direito do mouse e selecione **«Opções de cortes de curva...»**

2. Passe o mouse sobre uma cruz em uma das segmentações na janela da segmentação. Clique com o botão direito do mouse e selecione **«Opções de cortes de curva...»**

As ferramentas **«Girar»**, **«Zoom»**, **«Deslocar»**, **«Ajustar Janela/Nível»** são aplicadas de forma síncrona a todas as seções.

O DICOM Viewer grava vídeos, exporta e imprime imagens da janela de varredura ou janela de seção, dependendo de qual janela está ativa.

Somente a imagem na célula superior esquerda é exportada ou impressa na janela de seções. Para imprimir ou exportar a seção desejada, mova os planos de corte ao longo da curva na janela da seção para que a seção fique na célula superior esquerda. Os planos de corte são movidos girando a roda do mouse ou movendo a barra de rolagem na janela da seção.

Na janela de seções, o vídeo é gravado para a célula superior esquerda. Para iniciar a gravação de vídeo para a seção desejada, mova os planos de seções ao longo da curva na janela de seções para que a seção fique na célula superior esquerda.

Para gravar vídeo, ative a ferramenta **«Iniciar gravação de vídeo»** (consulte a Seção 5.11).

Para sair do modo de corte de curva, pressione o botão do **«Modo de curva»** .

5.8 Visualização de planos seccionais num modelo 3D

A ferramenta **«MRP planos na vista 3D»** é utilizada para configurar e apresentar planos seccionais no modelo de volume na janela **«Visualização 3D»**.

A ferramenta está disponível na barra de ferramentas das janelas **«Reconstrução MPR»**, **«Análise de vasos»** e **«Análise das artérias coronárias»** na barra de ferramentas apenas quando a reconstrução volumétrica é apresentada na janela **«Visualização 3D»**. Fig. 5.19 mostra um exemplo de visualização de planos secantes num modelo volumétrico na janela **«Visualização 3D»** do separador **«Reconstrução MPR»**.

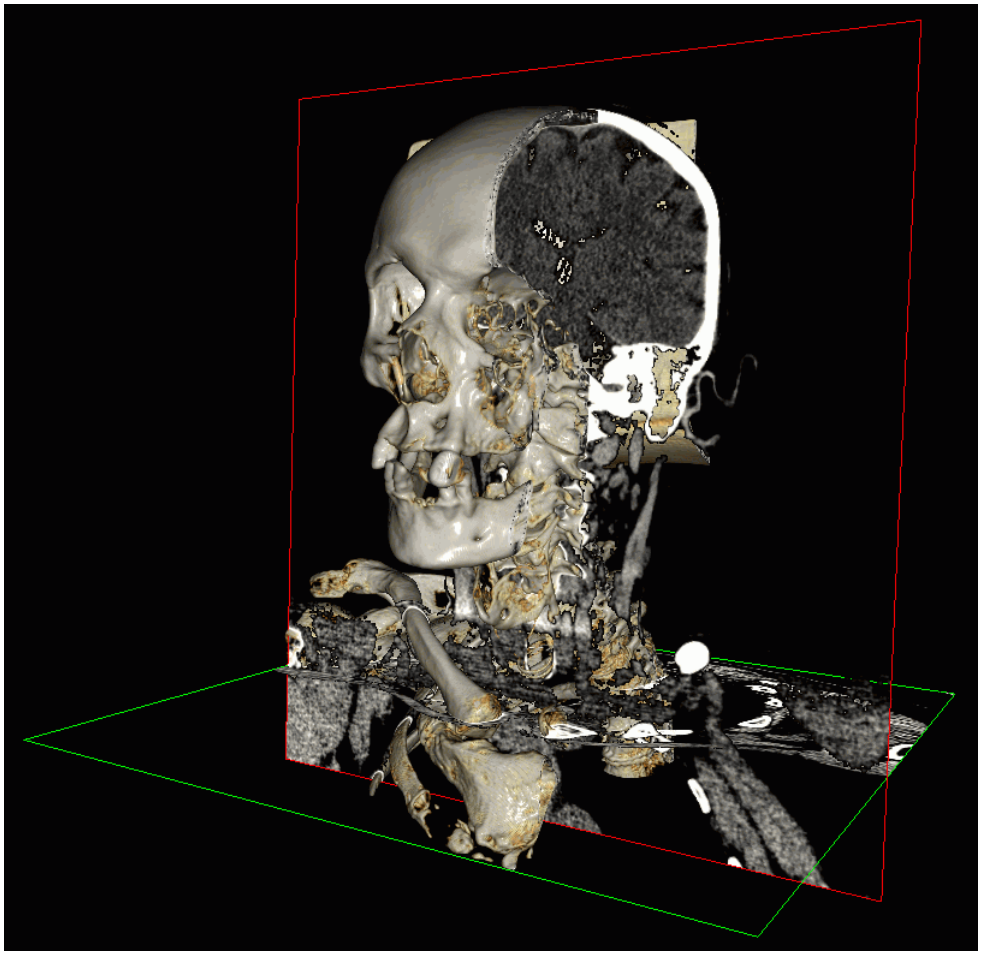


Figure 5.19: Visualização de planos secantes na janela «Visualização 3D»

Para ativar a visualização dos planos seccionais, clicar no botão **«MRP planos na vista 3D»** na barra de ferramentas.

A ferramenta permite ativar a reconstrução do volume na janela «Visualização 3D». Para ativar o modo de visualização da reconstrução 3D, clique no botão «3D» na barra de ferramentas.

Para ajustar a visualização dos planos, clique na seta do lado direito do botão **«MRP planos na vista 3D»** e selecione o modo de visualização no menu do botão (Fig. 5.20):

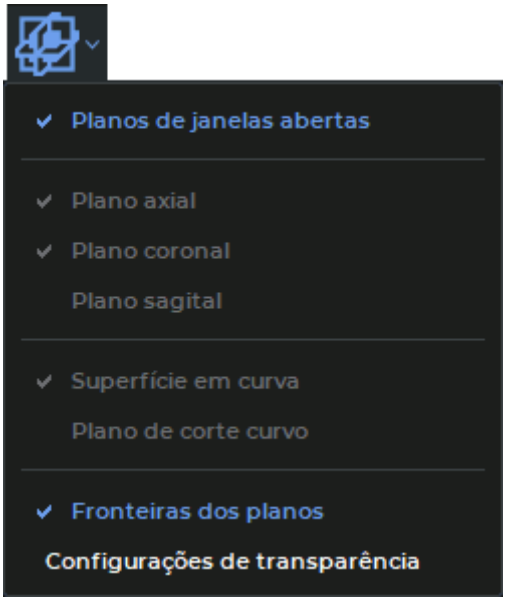


Figure 5.20: Menu de botões «MRP planos na vista 3D»

«Planos de janelas abertas». A janela **«Visualização 3D»** apresenta os planos secantes, que são apresentados nas janelas abertas do separador. O modo está ativado por defeito.

Para personalizar a visualização de planos seccionais individuais, desative o modo **«Planos de janelas abertas»**. A visibilidade dos seguintes planos pode ser personalizada:

- **«Plano axial»**;
- **«Plano coronal»**;
- **«Plano sagital»**;
- **«Superfície em curva»**[PRO]. A visualização da superfície por curva na janela **«Visualização 3D»** está disponível após a curva ter sido desenhada (ver Secção 5.7.1). Adicionalmente na janela plano de superfície por curva, a linha central é apresentada a vermelho escuro;
- **«Plano de corte curvo»**[PRO]. Exibição de cortes secantes de reconstrução curvilínea está disponível quando se abre pela primeira vez a janela de corte (consulte a Secção 5.7.6). Na janela **«Visualização 3D»** é apresentado o plano do primeiro corte.

Por defeito, a visualização de todos os planos está ativada.

«Fronteiras dos planos». O modo liga/desliga a visualização das fronteiras dos planos secantes no modelo de volume. A visualização das fronteiras dos planos está ativada por defeito.

«Configurações de transparência». Na janela de diálogo aberta (Fig. 5.21), mova o cursor para definir o nível de transparência. O cursor deslizante para definir o nível de transparência

dos planos. A posição mais à direita é a opacidade máxima. Por defeito, é definido o nível máximo de opacidade dos planos.

A transparência dos planos não é suportada:

- **se a CPU estiver selecionada como dispositivo de visualização;**
- **se o programa estiver instalado no sistema operativo Linux;**
- **se o programa estiver instalado no sistema operativo da família macOS e se for utilizado um dispositivo diferente do Metal como dispositivo de visualização.**

Para ativar a visibilidade do fundo, desmarque a opção **«Fundo transparente»**. Por defeito está definido. Para fechar a caixa de diálogo das definições de transparência, clique no botão **«FECHAR»**.

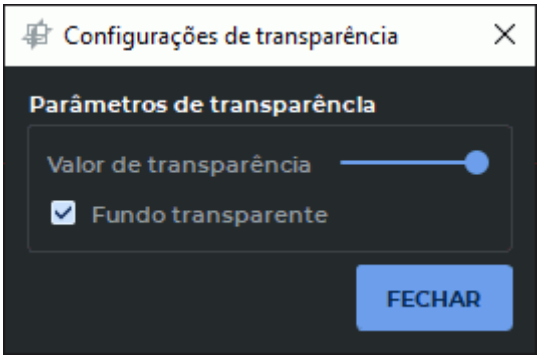


Figure 5.21: Caixa de diálogo de configuração da transparência para planos secantes

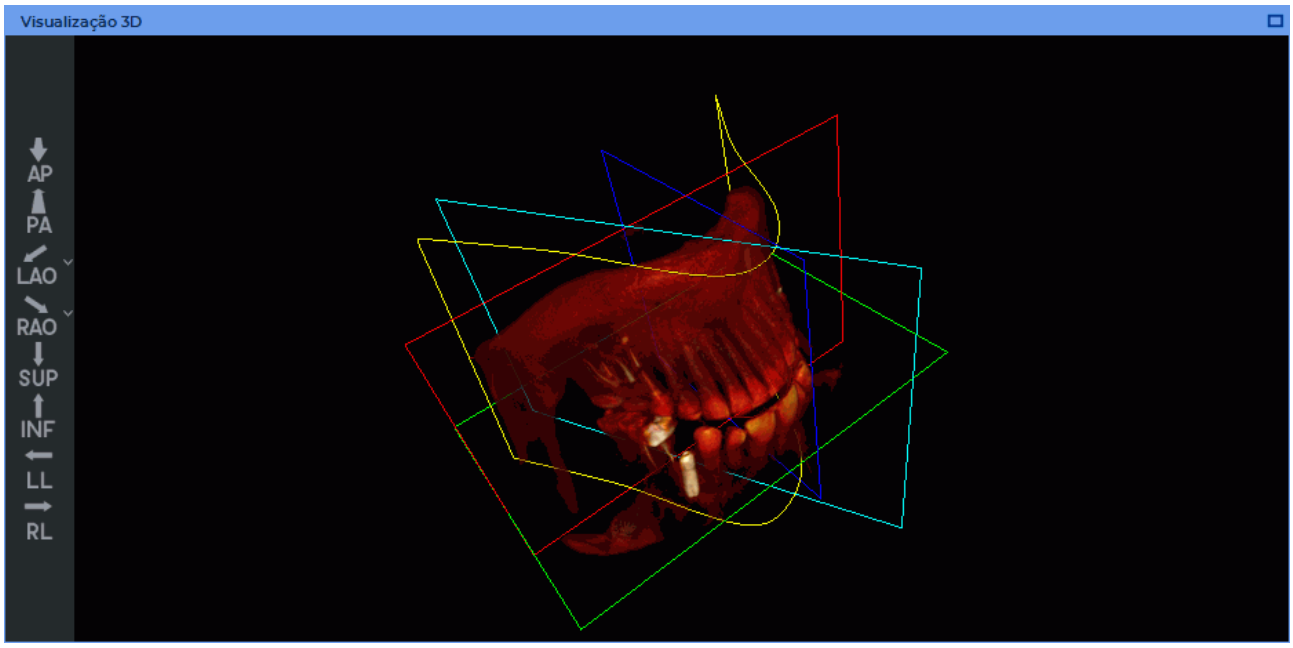


Figure 5.22: Visualização de planos secantes num modelo de volume na janela «Visualização 3D»

As cores dos limites dos planos correspondem às cores das janelas dos planos secantes. No plano da superfície curva, a linha central é apresentada a vermelho escuro. Os limites de um plano de corte de reconstrução curvo são exibidos em azul.

5.9 Ferramenta «Configurações de renderização»

A ferramenta **«Configurações de renderização»** permite definir a qualidade de visualização do modelo 3D e o limite de opacidade na janela **«Visualização 3D»**. A ferramenta está disponível na barra de ferramentas somente quando uma reconstrução 3D é exibida na janela **«Visualização 3D»**. A operação da ferramenta é descrita na Seção 3.14.

Para ativar o modo de exibição de reconstrução volumétrica, clique no botão **«3D»** na barra de ferramentas.

5.10 Ferramenta «Executar»

O DICOM Viewer permite reproduzir seções e fases automaticamente nas janelas de projeção e na janela de visualização de reconstrução de volume. Para definir a reprodução, clique na seta no botão **«Executar»** e marque os parâmetros necessários no menu do botão.

1. Se a série contiver várias fases, o DICOM Viewer permite alternar entre a reprodução de seções e fases. Para mudar, clique no botão **«Executar»** , selecione o item **«Executar cortes»** ou **«Executar fases»**. O item selecionado é marcado com um sinalizador. Apenas itens adequados para esta série estão disponíveis no menu.

2. Selecione a velocidade de reprodução desejada (5,10,20,25 quadros por segundo). Se você precisar definir uma velocidade de reprodução diferente, selecione o comando **«Usuário definido...»** e na caixa de diálogo que se abre, marque o valor de 1 a 100. A velocidade selecionada é marcada com uma bandeira.

3. Para ativar a reprodução em loop, selecione o comando **«Repetir»**. O comando é sinalizado com um marcador. Para desabilitar a repetição, selecione este comando novamente. O marcador é removido.

Para reproduzir, clique no lado esquerdo do botão ▶ na barra de ferramentas. O botão muda para ▌▌ . Para encerrar a reprodução, pressione o lado esquerdo do botão ▌▌ .

5.11 Gravação de vídeo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite gravar vídeos da janela de visualização de seções de um dos planos e da janela de visualização de reconstrução volumétrica. No vídeo são gravados:

- imagens de tecidos;
- medidas;
- anotações;
- marcadores;
- tags;
- cubo de orientação;
- cruz da ferramenta **«Selecionar o ponto de modelo»**.

Quando a janela de corte é selecionada por outro plano ou janela de visualização de reconstrução 3D, a gravação do vídeo é interrompida.

Caso contrário, o funcionamento da ferramenta nas janelas do MPR é semelhante ao descrito na Seção 2.15 e na janela de visualização de reconstrução volumétrica — na Seção 3.7.

5.12 Marcadores

5.12.1 Informação geral

Um marcador é um ponto, linha reta ou linha poligonal no espaço vinculado ao modelo. O DICOM Viewer permite exibir os comprimentos da linha do marcador e da linha do marcador do polígono e os ângulos da linha do marcador do polígono.

Para criar marcadores, use as ferramentas **«Marcador»**, **«Linha de marcador»** e **«Linha de marcador poligonal»**. Para selecionar uma dessas ferramentas, clique na seta no botão

de seleção de ferramentas. Dependendo de qual ferramenta é selecionada, o botão tem uma aparência diferente:

	«Marcador» (selecionado por padrão)
	«Linha de marcador»
	«Linha de marcador poligonal»

Caso precise ativar ou desativar uma ferramenta que já esteja selecionada, basta clicar no lado esquerdo do botão de seleção de ferramentas com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para continuar trabalhando com a ferramenta, use o botão que foi usado para ativá-la. Consulte a Seção 1.14 para obter mais informações sobre gerenciamento de ferramentas.

Os marcadores criados estão localizados no plano atualmente exibido na janela.

Para informações sobre exportação e importação de marcadores veja as Seções 6.7.8 e 6.7.9.

5.12.2 Adicionando marcadores como pontos

Para adicionar um marcador como ponto, faça o seguinte:

1. Ative a ferramenta **«Marcador»** na barra de ferramentas.
2. Marque um lugar na imagem clicando no botão do mouse. O marcador aparece em todas as três janelas.

Depois de adicionar todos os marcadores, desative a ferramenta **«Marcador»**.

A ferramenta também está disponível no menu de contexto da imagem e na seção **«MPR»** do menu principal. A ativação só é possível com o botão esquerdo do mouse.

5.12.3 Adicionando uma linha de marcador

Para adicionar uma linha de marcador, faça o seguinte:

1. Ative a ferramenta **«Linha de marcador»** na barra de ferramentas.
2. Uma linha de marcação pode ser desenhada de duas maneiras:
   - coloque o primeiro ponto clicando com o botão do mouse. Se necessário passe para outro corte rodando a roda do rato. Mova o cursor do mouse para o segundo ponto da linha do marcador. Fixe o segundo ponto clicando com o botão do mouse;
   - clique com o botão do mouse no primeiro ponto e, enquanto mantém o botão do mouse pressionado, mova o cursor para o ponto final. Para mudar para outro, rode a roda do rato sem soltar o botão do rato. Para fixar o ponto final da linha do marcador, solte o botão do mouse.

3. Para cancelar uma construção inacabada, pressione a tecla **Esc** no teclado.

Ao desenhar uma linha de marcador, os pontos de início e fim são definidos nos cortes selecionados. Esta realização da operação da ferramenta permite-lhe medir entre pontos que se encontram em cortes diferentes. Pela cor da linha de marcação, pode determinar qual a parte da linha que se encontra em frente da imagem atual. Esta parte da linha é mais clara do que a parte atrás da imagem atual (Fig. 5.23).

Após adicionar as linhas marcadoras, desative a ferramenta **«Linha de marcador»**.

A ferramenta também está disponível no menu de contexto da imagem e na seção **«MPR»** do menu principal. A ativação só é possível com o botão esquerdo do mouse.

As medições de comprimento feitas com linhas de marcação são salvas no arquivo de projeto.

5.12.4 Linha de marcadora poligonal

Para adicionar uma linha de marcadora poligonal, faça o seguinte:

1. Ative a ferramenta **«Linha de marcador poligonal»** na barra de ferramentas.

2. Gire a roda do mouse para selecionar a fatia onde o primeiro ponto deve estar.

3. Coloque um ponto com um clique do mouse.

4. Se necessário, vá para outra fatia girando a roda do mouse.

5. Mova o mouse para selecionar onde o próximo ponto deve estar. Coloque um ponto clicando com o botão esquerdo do mouse.

6. Repita os passos 4, 5 até definir o penúltimo ponto.

7. Marque o último ponto clicando duas vezes com o botão do mouse.

8. Para cancelar uma construção inacabada, pressione a tecla **Esc** no teclado.

Ao desenhar uma linha de marcação poligonal, os pontos inicial, intermédio e final são definidos nas secções selecionadas. Esta realização da operação da ferramenta permite efetuar medições entre pontos situados em cortes diferentes. A cor da linha de marcação permite determinar que parte da mesma se encontra em frente da imagem atual. Esta parte da linha é de uma cor mais clara do que a parte atrás da imagem atual da imagem (Fig. 5.23).

Depois de adicionar todas as linhas poligonais, desative a ferramenta **«Linha de marcador poligonal»**.

Para continuar uma linha de marcador de polígono, passe o mouse sobre o ponto final da linha, clique com o botão direito e selecione **«Continuar linha»**.

A ferramenta também está disponível no menu de contexto da imagem e na seção **«MPR»** do menu principal. A ativação só é possível com o botão esquerdo do mouse.

Medições de comprimento e ângulo feitas usando linhas marcadoras poligonais são salvas no arquivo do projeto.

5.12.5 Ações com marcadores

As seguintes ações com marcadores são possíveis:

- Mover um marcador ou marcador e pontos da linha marcadora poligonal. Para fazer isso, mova o cursor do mouse sobre um marcador ou ponto na linha para que o cursor se torne . Segurando o botão esquerdo do mouse ou o botão com o qual a ferramenta está ativada no momento, mova-o para o local desejado. A localização do marcador muda de acordo em outras janelas. O movimento é paralelo à seção atual.
- Excluir. Para fazer isso, mova o cursor sobre o marcador para que o cursor se torne . Premir a tecla **Delete** no teclado ou clicar com o botão direito do mouse e selecione **«Excluir»**.
- Remover todos os marcadores. Se quiser excluir todos os marcadores, passe o mouse sobre qualquer marcador para que o cursor se torne . Clique com o botão direito e selecione **«Remover todos os marcadores»** ou selecione o item apropriado no menu da ferramenta **«Marcador»**.

5.12.6 Propriedades dos marcadores

As seguintes propriedades são definidas para marcadores:

- **Texto**;
- **Tamanho do texto**;
- **Diâmetro** ou **Largura de linha**;
- **Cor**;
- **Mostrar comprimento** (para linhas de marcação);
- **Mostrar ângulo** (para linhas de marcadores poligonais).

Para definir as propriedades de um marcador já criado, passe o mouse sobre o marcador, clique com o botão direito e selecione **«Marker options...»**

Para definir as propriedades padrão do marcador, clique na seta no botão **«Marcador»** e selecione um dos comandos **«Opções de marcador padrão...»**, **«Opções de linha de marcador padrão...»** ou **«Opções de linha poligonal de marcador padrão...»**. Os parâmetros definidos serão aplicados por defeito quando forem adicionados novos marcadores e forem desenhadas novas linhas de marcador.

5.12.7 Localização de marcadores no espaço

Se o marcador estiver dentro ou perto da seção atual, ele será exibido como um círculo. Caso contrário, o marcador é exibido como um anel com um ponto no centro. Quanto mais distante o plano do marcador estiver do plano da seção atual, mais escuro será o marcador.

Pela cor da linha do marcador, você pode determinar como ela está localizada em relação ao plano da imagem atual. A linha (ou parte dela) localizada na frente do plano é de cor mais

clara do que a linha (parte) atrás dela. Na Fig. 5.23 a parte inferior da linha do marcador está atrás da imagem.

Figure 5.23: Localização da linha do marcador no espaço em relação ao plano da imagem atual

5.13 Modos de reconstrução. Espessura da camada

5.13.1 Modos de reconstrução

Os modos de reconstrução são alternados pelo botão **«Alterar modo de reconstrução»** no painel de controle. O botão exibe o nome do modo correspondente.

Existem 4 modos de reconstrução disponíveis:

1. **«Modo MPR»**. As seções estão disponíveis para visualização. Instalado por padrão.

2. Modo **«Renderização MIP»** . Em vez de uma seção, uma camada de uma certa espessura é retirada. Um ponto com a intensidade máxima na camada é projetado em cada ponto da imagem. A definição da espessura é descrita na próxima seção.

3. Modo **«Renderização MinIP»** . Semelhante ao anterior, exceto que um ponto com intensidade mínima é projetado na imagem.

4. Modo **«Renderização AIP»**. Semelhante ao anterior, exceto que a intensidade do ponto imagem é igual ao valor médio da intensidade dos pontos projetados no ponto imagem dado.

A seleção de modo também está disponível na seção **«MPR»** do menu principal.

5.13.2 Espessura da camada

Nos modos de reconstrução **«Renderização MIP»**, **«Renderização MinIP»** e **«Renderização AIP»**, a espessura das camadas exibidas em todos os planos é ajustada usando o botão **«Espessura»** na barra de ferramentas. Ao clicar no botão, selecione valores predefinidos na lista ou marque um valor arbitrário selecionando a opção **«Definido pelo usuário»**. Nas

janelas de visualização de imagens, os limites da camada são indicados por linhas marcadas com setas na Fig. 5.24.

Para ajustar a espessura da camada projetada em um plano específico, mova o cursor sobre qualquer linha marcada com setas na Fig. 5.24 para a camada correspondente e mova a borda da camada com o mouse com o botão esquerdo pressiona

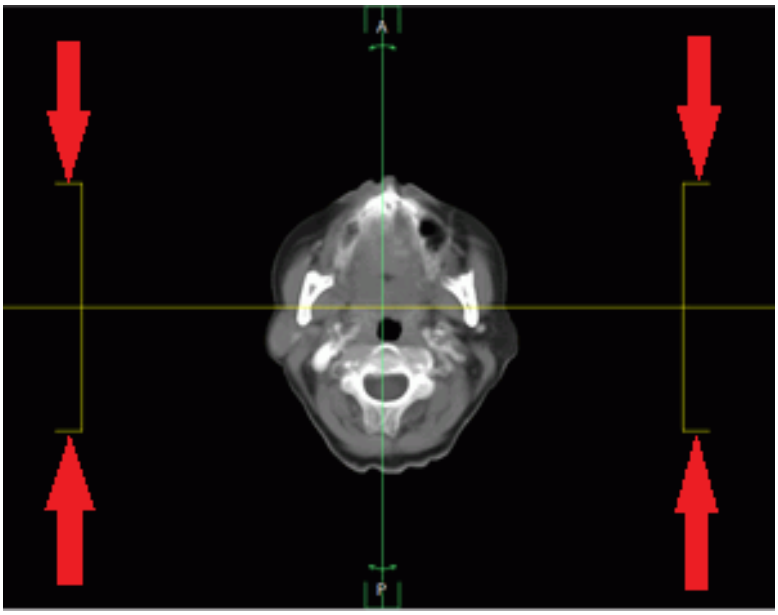


Figure 5.24: Limites de camada

A configuração de espessura também está disponível na seção **«MPR»** do menu principal.

5.14 Girar a imagem no plano da seção

Para girar uma imagem em um ângulo múltiplo de 90 graus, faça o seguinte:

1. Ative a janela que contém a imagem que deseja girar. Para fazer isso, clique com o botão esquerdo na área da janela ou em seu título (indicado por uma seta na Fig. 5.25).

2. Clique na seta no botão **«Girar»** e selecione o ângulo que deseja girar a imagem na lista suspensa.

3. Para retornar a imagem à sua posição original, selecione **«Definir ângulo de rotação 0°»**.

4. Para rodar a imagem num ângulo arbitrário, clique no botão **«Girar»** com o botão esquerdo, direito ou médio do rato. Para continuar a trabalhar com a ferramenta, utilize o botão com que a ferramenta foi activada. Para mais informações sobre a gestão de ferramentas, ver. Na Secção 1.14. Rode a imagem movendo o rato enquanto mantém premido o botão que activou a ferramenta.

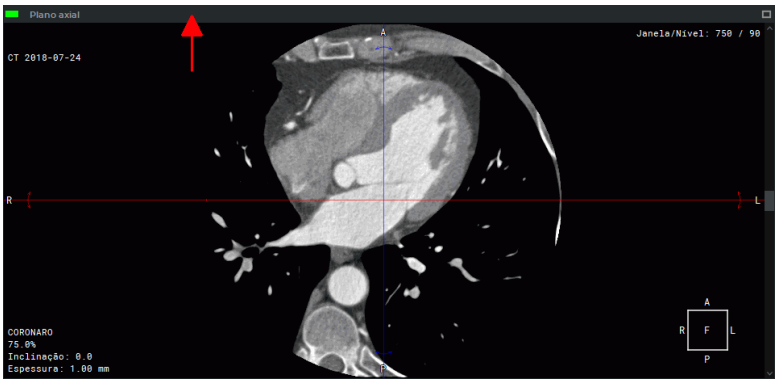


Figure 5.25: Título da Janela

Para cancelar o giro de todas as imagens, clique no botão **«Redefinir orientação da vista»** na barra de ferramentas.

Observe que outras transformações de exibição são redefinidas ao mesmo tempo.

A ferramenta também está disponível no menu de contexto da imagem e na seção **«MPR»** do menu principal.

5.15 Ferramenta «Inverter a imagem horizontalmente / verticalmente»

O trabalho com a ferramenta é descrito na Seção 2.36.

5.16 Ferramenta «Mostrar os rótulos»

O trabalho com a ferramenta é descrito na Seção 2.27.

A ferramenta também está disponível na seção **«MPR»** do menu principal.

5.17 Exportar imagens

A exportação do modelo para o DICOM e para uma imagem é semelhante à exportação de imagens descrita na Seção 2.28.

5.18 Criar série

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Esta funcionalidade permite exportar uma série formada durante a reconstrução multiplanar, definindo a área de visibilidade, tamanho, passo de corte e outros parâmetros.

A janela MPR exibe não os dados originais, mas seções da reconstrução volumétrica, portanto, podem ocorrer erros de interpolação. Para formar uma série, utilize a reconstrução MPR com base na série obtida do equipamento de diagnóstico, e não gerada anteriormente, a fim de evitar o acúmulo de erros de interpolação.

Para exportar uma série, faça o seguinte:

1. No painel de segmentação de séries fundidas, selecione a série de camadas que pretende exportar para a nova série.

2. Selecione o plano cujas seções você deseja exportar para uma série. Para fazer isso, clique com o botão esquerdo do mouse na janela correspondente.

3. Abra a janela de exportação de imagens clicando no botão **«Criar série»** . A janela de reconstrução multiplanar terá a forma semelhante à mostrada na Fig. 5.26.

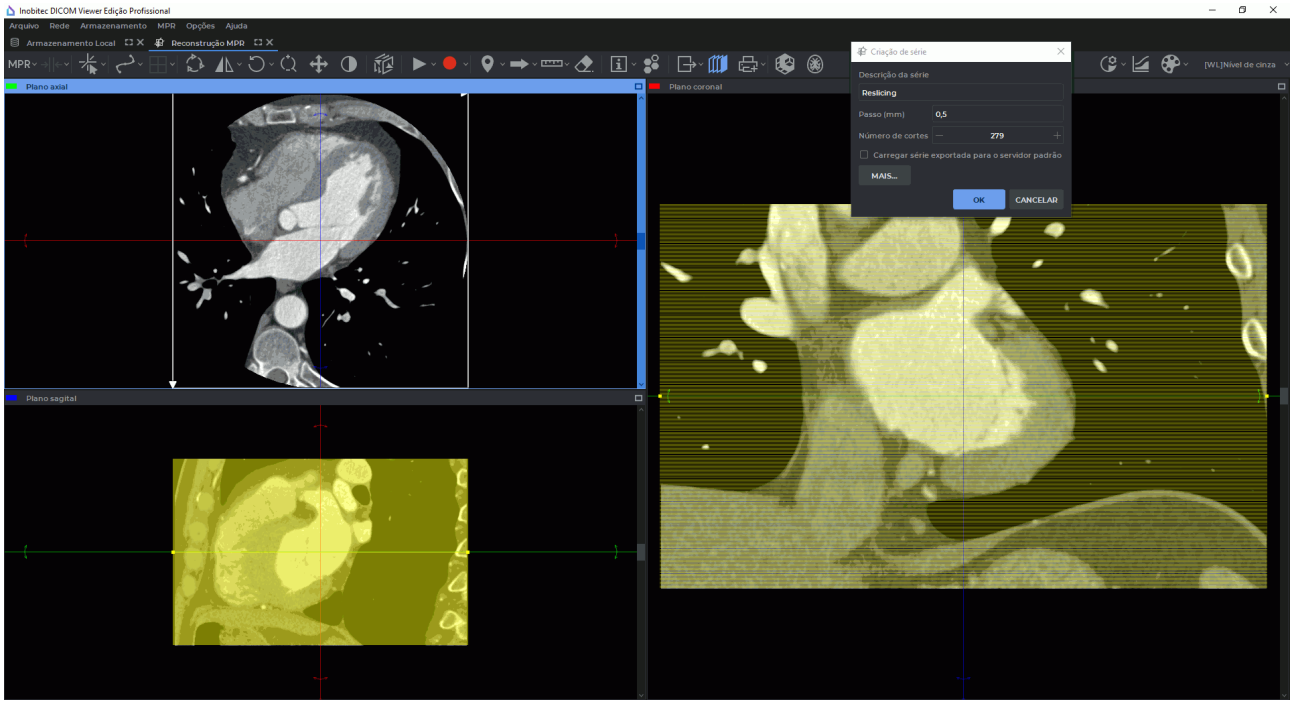


Figure 5.26: Formação da série

4. A caixa de diálogo (Fig. 5.27) define a descrição da série.

5. Marque a etapa em que as imagens da série serão formadas.

6. Marque o número de seções.

7. Se você precisar carregar imediatamente as imagens exportadas para o servidor DICOM, marque a opção **«Carregar imagem para o servidor padrão»**. Se nenhum servidor padrão for especificado no DICOM Viewer esta opção estará inativa.

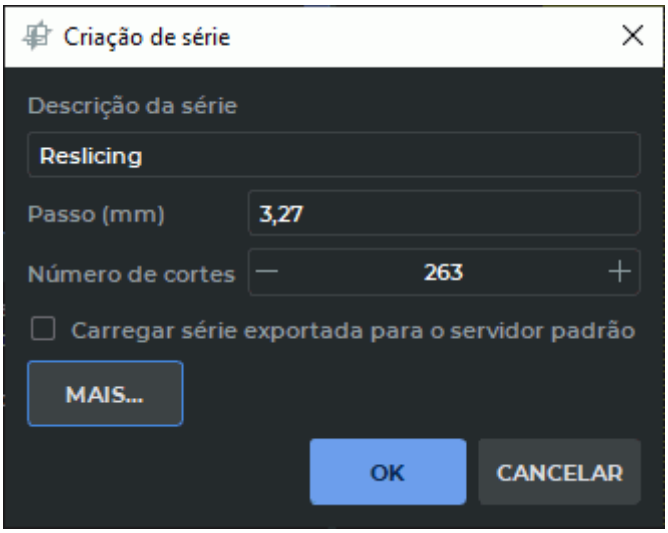


Figure 5.27: Janela de diálogo do modo de geração de séries

8. Para definir parâmetros adicionais da série, clique no botão **«MAIS...»**. A janela de diálogo com os parâmetros adicionais é apresentada na Fig. 5.28.

9. Para ter em conta durante a captura de imagens o modo de reconstrução e a espessura do corte, defina a opção **«Usar configurações MIP»**. Para obter mais informações sobre os modos de reconstrução, consulte a Secção 5.13.1.

10. Marque o tamanho da imagem, se necessário.

11. A área da imagem que deve ser exportada é marcada com uma moldura branca localizada simetricamente em relação ao ponto de interseção dos planos de corte. Para alterar o tamanho do quadro, mova suas bordas com o mouse com o botão esquerdo pressionado.

12. Para girar a área de exportação, gire os planos de corte. O trabalho com planos é descrito na Seção 5.5.2.

13. Os outros dois planos exibem projeções das seções exportadas. Se necessário, mova-os ou gire-os da mesma maneira.

14. Clique no botão **«OK»**, para exportar a série ou **«CANCELAR»** para cancelar.

A formação de uma nova série é realizada para a série da camada selecionada e é exportada no sistema de coordenadas da série da camada de base, tendo em conta a sobreposição

de camadas. Neste caso o valor da etiqueta *FrameOfReferenceUID* da série exportada coincide com o valor da etiqueta *FrameOfReferenceUID* da série da camada de base. A série exportada é guardada no estudo atual como uma nova série.

Figure 5.28: Janela de diálogo do modo de geração de séries com parâmetros adicionais

A exportação também está disponível na seção **«MPR»** do menu principal.

O botão **«Criar série»** está disponível paras as janelas **«Evolvente»** e **«Cortes de curva»** na aba **«Reconstrução MPR»**.

5.19 Medições

Como a janela do MPR não exibe os dados originais, mas seções da reconstrução volumétrica, pode haver pequenas distorções devido à interpolação

Como as imagens nos modos MinIP, MIP e AIP são o resultado do processamento das imagens originais, pode ocorrer distorção devido à interpolação. As medições feitas em imagens nesses modos podem conter erros.

As medições são feitas para o pixel da tela mais próximo. Como o tamanho do pixel da tela é menor que o tamanho do pixel da imagem original, o erro de medição linear real é o mesmo que o valor do pixel da imagem original. As medições de densidade também têm um erro. O menor erro na medição de densidades é dado pela interpolação bilinear (seçã 5.3).

O modo de visualização MPR não se destina ao exame PET devido à possibilidade de erros de interpolação. Use um módulo especializado para análise de PET 9).

Erros significativos são possíveis ao medir a intensidade em um ponto. Nesse caso, o valor da intensidade é exibido com um asterisco. Para uma medição precisa, é necessário usar um filtro de interpolação bilinear (Seção 5.3).

As medições são feitas da mesma forma que na aba de visualização de imagens planas (Seção 2.19).

5.20 Anotações

O trabalho com anotações é descrito na Seção 2.33.

5.21 Reconstrução volumétrica (reconstrução 3D)

No modo de reconstrução multiplanar, a visualização e edição do modelo 3D estão disponíveis. Para abrir a reconstrução volumétrica, clique no botão **«3D»** na barra de ferramentas. A reconstrução volumétrica abre no canto inferior direito da janela. As seguintes ferramentas estão disponíveis para trabalhar com o modelo:

- **«Caixa de Corte»**;
- **«MPR planos no vista 3D»**;
- **«Centralizar»**;
- **«Selecionar o ponto de modelo»**;
- **«Régua»** e **«Régua poligonal»**;
- todas as ferramentas para edição e segmentação do modelo[PRO].

A reconstrução volumétrica é descrita na Seção 3.

5.22 Modo de análise de imagem por tensor de difusão (DTI)

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Os resultados da tratografia não podem ser usados para fazer um diagnóstico.

O DICOM Viewer nas abas **«Reconstrução MPR»** e **«Reconstrução volumétrica»** permite realizar tratografia para fotos em série no modo DTI. A Fig. 5.29 mostra as curvas resultantes da tratografia das fibras nervosas do cérebro.

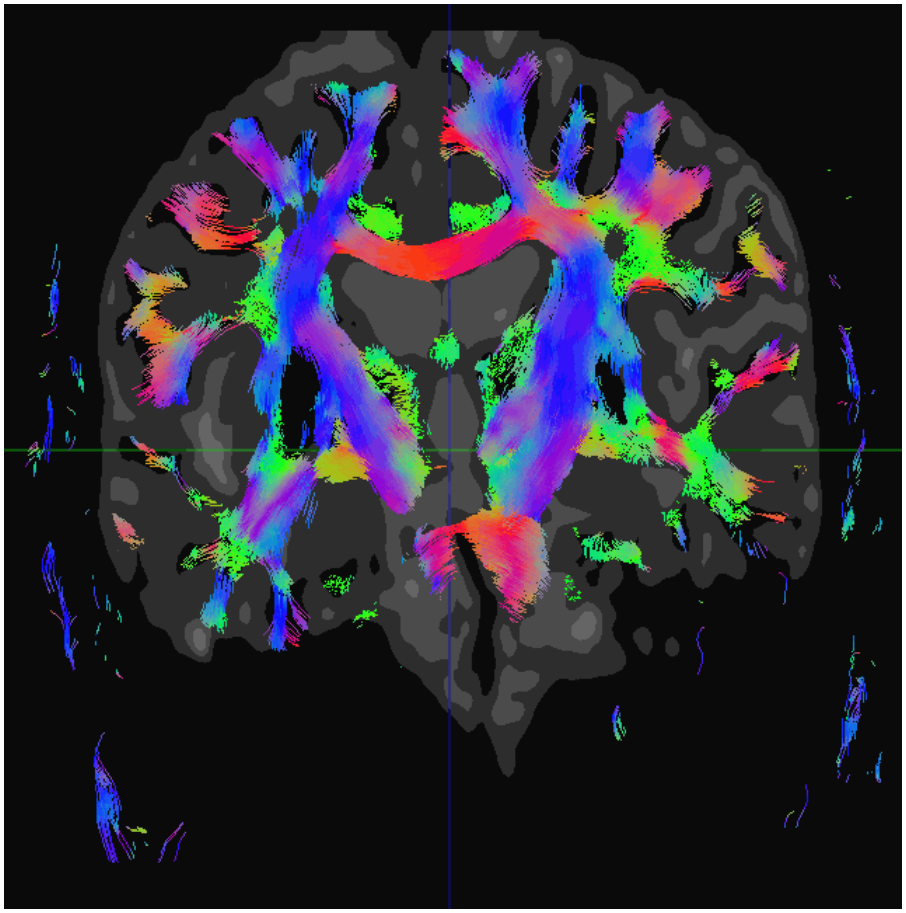


Figure 5.29: Resultado da tratografia das fibras nervosas do cérebro

As curvas construídas como resultado da tratografia são chamadas de fibras na interface do programa e posteriormente no manual do usuário.

5.22.1 Abrindo uma série no modo DTI

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para uma tomada em série no modo DTI, a tratografia é executada automaticamente após a abertura nas abas **«Reconstrução MPR»** ou **«Reconstrução volumétrica»**. As imagens de fibra podem ser sobrepostas às imagens de outras séries da mesma análise que não foram feitas no modo DTI. Para fazer isso, siga estas etapas:

1. Abra uma série que não foi filmada no modo DTI.
2. Clique no botão **«DTI»** na barra de ferramentas.
3. Na janela **«Série DTI»** que se abre, selecione uma tomada em série no modo DTI.

   A janela «Série DTI» não exibe a série corrente, séries DTI adicionadas anteriormente ou séries não adequadas para a construção de um modelo volumétrico.

4. Pressione **«SELECIONAR»** para aplicar fibras da série selecionada à série aberta ou **«CANCELAR»** para cancelar a ação.
5. Para sobrepor a imagem de fibra de outra série capturada no modo DTI sobre a série aberta, repita as etapas de 2 a 4.

Imagens de fibras de cada série capturadas no modo DTI são adicionadas ao painel **«Fibras»**.

Para remover uma imagem de fibra da série DTI sobreposta, clique no botão **«Remover a série de Imagem por Tensor de Difusão (DTI)»** — no painel **«Fibras»**.

5.22.2 Abertura de uma série combinada no modo DTI

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Imagens de fibras podem ser sobrepostas sobre as imagens de uma série combinada de um ou mais estudos capturadas não no modo DTI. Para isso, complete os seguintes passos:

1. Abra uma série combinada nas abas **«Reconstrução MPR»** ou **«Reconstrução volumétrica»** (veja Secções 4.1 e 4.2).
2. Abra o painel de segmentação clicando no botão **«Painel de segmentação»** .
3. Selecione no painel de segmentação uma das camadas da série combinada.
4. Clique no botão **«DTI»** no painel de ferramentas.

5. Na janela **«Série DTI»** que se abre, selecione a série capturada no modo DTI e clique no botão **«SELECIONAR»**.

A janela «Série DTI» não exibe a série corrente, séries DTI adicionadas anteriormente, séries de outras camadas, séries combinadas ou séries não adequadas para a construção de um modelo volumétrico.

6. Para a segunda camada e adiante, repita os passos de 3 a 5.

As imagens de fibra de cada série capturadas no modo DTI são adicionadas ao painel **«Fibras»**.

Para remover uma imagem de fibras de uma série DTI sobreposta, clique no botão **«Remover a série de Imagem por Tensor de Difusão (DTI)»** — no painel **«Fibras»**

5.22.3 Painel «Fibras»

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para abrir o painel **«Fibras»** nas abas **«Reconstrução MPR»** e **«Reconstrução volumétrica»**, clique no botão **«Painel de segmentação»** no painel de ferramentas.

O Painel **«Fibras»** para a aba **«Reconstrução MPR»** é mostrada na Fig. 5.30, e o para a aba **«Reconstrução volumétrica»** na Fig. 5.31. O painel na aba **«Reconstrução volumétrica»** se distingue pela ausência de ferramentas de ROI e elementos para sua visualização.

As ações realizadas com os grupos de fibras são duplicadas no painel **«Fibras»** nas abas **«Reconstrução MPR»** e **«Reconstrução volumétrica»**.

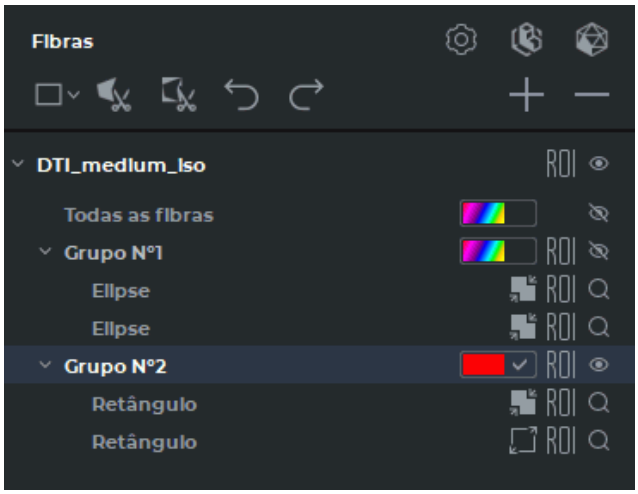


Figure 5.30: O painel **«Fibras»** *na aba «Reconstrução MPR»*

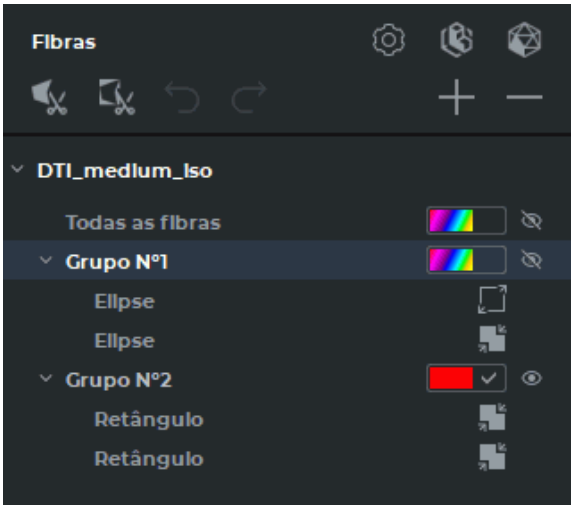


Figure 5.31: O painel **«Fibras»** *na aba «Reconstrução volumétrica»*

Ferramentas e botões do painel **«Fibras»**:

	As ferramentas do grupo **«ROI ...»** (**«Retângulo»** , **«Elipse»** , **«Polígono»**). Dependendo da ferramenta selecionada, o botão terá uma aparência diferente.
	Ferramenta **«Corte polígono»**.
	Ferramenta **«Corte polígono invertido»**.
	O botão **«Desfazer corte»** desfaz a última operação de corte.
	O botão **«Refazer corte»** repete a última operação desfeita de corte.
	O botão **«Novo grupo de fibras»** adiciona um novo grupo.
	O botão **«Remover o grupo de fibras/Remover ROI/Remover a série de Imagem por Tensor de Difusão (DTI)»** remove o grupo fibras destacado, ROI dentro do grupo ou a Série DTI sobreposta.
	O botão **«Configurações da Imagem por Tensor de Difusão (DTI)...»** abre uma caixa de diálogo para ativar o modo de guarda como um arquivo *.spj* em um formato compatível com versões anteriores do DICOM Viewer até e incluindo a versão 2.17 (veja Secção 5.22.9).
	O botão **«Voxelizar tratos»** constrói um modelo de voxel para o grupo selecionado de fibras (veja Seção 5.22.8).
	O botão **«Converter tratos para malha poligonal»** constrói uma superfície poligonal para o grupo selecionado de fibras (veja Secção 5.22.7).

5.22.4 Selecionando Fibras Exibidas

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Caso seja necessário tornar apenas parte das fibras visíveis, é necessário indicar as áreas por onde passam as fibras de interesse, ou ao contrário, as fibras que precisam ficar invisíveis. Para isso, utilize as ferramentas do grupo ROI, localizadas no painel **«Fibras»**. Trabalhar com elas é semelhante ao descrito na Seção 2.19.7. Observe que as ferramentas ROI localizadas na barra de ferramentas na parte superior da janela não podem ser usadas para ajustar a visibilidade das fibras.

Para tornar apenas parte das fibras visíveis, faça o seguinte:

1. Abra uma tomada em série no modo DTI ou sobreponha fibras em uma série regular.
2. Escolha uma projeção e um corte que seja conveniente para destacar a área por onde passam as fibras de interesse.
3. Abra o painel de segmentação pressionando o botão **«Painel de segmentação»** . Na parte inferior, aparecerá o painel **«Fibras»**.
4. Selecione a área desejada usando as ferramentas ROI (**«Retângulo»** , **«Elipse»** , **«Polígono»**) no painel **«Fibras»**. Após a construção do ROI, apenas as fibras que passam pela área delimitada pelo ROI permanecerão visíveis. Ao criar o primeiro ROI, automaticamente é criado um grupo para ele. Novos ROI são adicionados ao mesmo grupo.

   Cada ferramenta de ROI pode ser ativada com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para utilização posterior da ferramenta, utilize o botão que foi utilizado para ativar a ferramenta. Leia mais sobre isso na Seção 1.14.
5. Se é necessário exibir fibras externas que não passam pelo ROI, clique no botão **«Definir fibras externas»** para este ROI. Para exibir as fibras internas que passam pelo ROI, clique no botão **«Definir fibras internas»** para este ROI.
6. Crie ROI adicionais até que apenas as fibras desejadas permaneçam na tela. A tela exibe apenas as fibras que passam por todas as áreas marcadas com ROI (ou que não passam, no caso da seleção de fibras externas).

As ferramentas **«Corte polígono»** e **«Corte polígono invertido»** efetuam a edição de grupos de fibras em projeções de planos ortogonais na aba **«Reconstrução MPR»** e no modelo volumétrico na aba **«Reconstrução volumétrica»**. Para abrir uma série na aba **«Reconstrução MPR»** na janela de reconstrução volumétrica, clique no botão **«3D»** no painel de ferramentas. A janela **«Visualização 3D»** que se abre exibe o modelo volumátrica. Para obter mais informações sobre a configuração de posicionamento das janelas de planos de projeção na aba **«Reconstrução MPR»**, veja Seção 5.2.1.

Para esconder todos os ROIs, clique no botão **«Ocultar ROI»** na linha com o nome da série no painel **«Fibras»**. Para exibir todos os ROIs, clique no botão **«Mostrar ROI»** . À semelhança disso se pode ocultar ou mostrar ROIs para cada grupo ou para um ROI separado dentro de cada grupo. A visibilidade do ROI não afeta a visibilidade das fibras.

Para esconder as fibras de toda a série, do grupo **«Todas as fibras»** ou de um grupo ROI, clique no botão **«Ocultar»** na linha correspondente, e para exibí-las, clique no botão **«Mostrar»** . Esta botão não afeta as configurações de visibilidade das fibras, apenas permite ocultá-las temporariamente, por exemplo, para definir a visibilidade de outros grupos de fibras.

Para renomear um grupo ou ROI, clique duas vezes no nome do grupo ou ROI com o botão esquerdo do mouse, digite um novo nome e pressione a tecla **«Enter»** no teclado.

Para remover um grupo ou ROI, selecione-o e clique no botão **«Remover o grupo de fibras/Remover ROI»** no painel **«Fibras»**.

Para tornar outras fibras visíveis sem alterar a visibilidade das fibras já exibidas, faça o seguinte:

1. Se necessário, oculte as fibrasjá exibidas clicando no botão **«Ocultar»** na linha com o nome do grupo de fibras.
2. Exiba todas as fibras clicando no botão **«Mostrar»** na linha com o grupo **«Todas as fibras»**.
3. Adicione um novo grupo clicando no botão **«Novo grupo de fibras»** no painel **«Fibras»**.
4. Construa o número necessário de ROI para ajustar a visibilidade das fibras desejadas. Observe que, para que os ROI caiam no grupo desejado, esse grupo deve ser selecionado no momento da construção.
5. Se necessário, exiba as fibras de outros grupos clicando no botão **«Mostrar»** nas linhas com seus nomes.

Para ir para a fatia onde está o ROI selecionado, clique no botão **«Passar a ROI»** no painel **«Fibras»**.

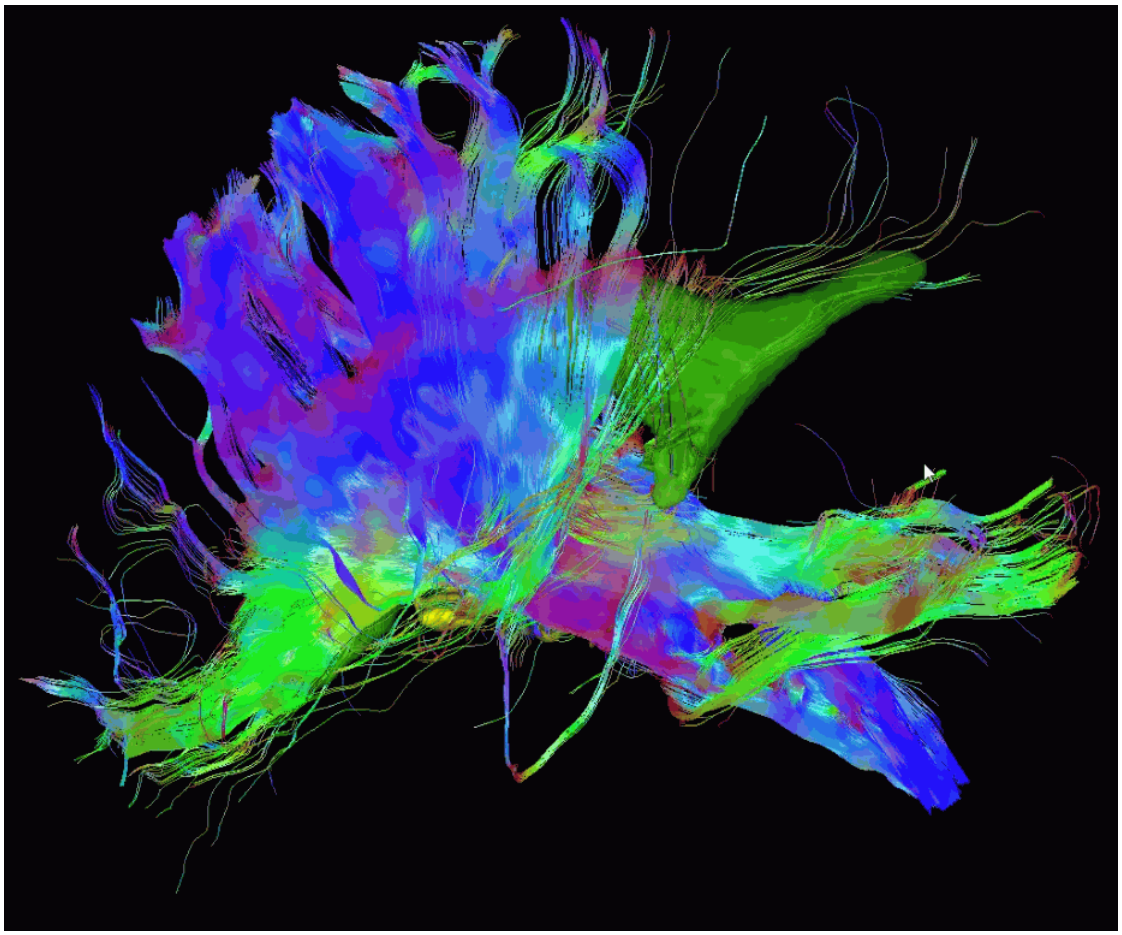


Figure 5.32: Grupos editados de fibras nervosas cerebrais

5.22.5 Cor das fibras

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Por padrão, as fibras são coloridas de acordo com o esquema DEC (Direction Encoded Color: cor codificada por direção), ou seja, a cor depende da direção da fibra. Para cada grupo de fibras, uma cor diferente pode ser definida manualmente.

No painel **«Fibras»**, o botão de seleção de cor do grupo de fibras no modo DEC aparece como um espectro multicolorido , enquanto no modo manual já na cor selecionada.

Para definir manualmente a cor do grupo de fibras selecionado, marque a caixa à direita do botão de seleção de cor do grupo de fibras. Em seguida, clique com o botão esquerdo do rato no botão de seleção de cor e selecione a cor desejada na caixa de diálogo que se abre ou aceite a cor padrão do programa.

Para mudar de novo para o esquema DEC, desmarque a caixa à direita do botão de seleção de cor do grupo de fibras, que exibe a cor selecionada.

5.22.6 Mapas escalares

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O painel de mapas DTI só é exibida na aba «Reconstrução MPR».

O DICOM Viewer permite que você crie mapas escalares para fotos em série no modo DTI. Estão disponíveis os seguintes tipos de cartão:

- Fractional Anisotropy (FA);
- Mean Diffusivity (MD);
- Axial Diffusivity (AD);
- Radial Diffusivity (RD).

Os mapas não são exibidos por padrão. Para exibir um mapa, selecione o mapa desejado na lista suspensa **«Tipo de mapa escalar»** (Fig. 5.33). Para ocultar o mapa, selecione um valor vazio na lista.

Na lista pendente **«Tabela de consulta de cores»** selecione a tabela de cores que define o espectro do mapa. Determine os valores mínimo e máximo da faixa visível do mapa selecionado nos campos **«Faixa de valores»**.

Para recuperar os valores originais do intervalo para o tipo de cartão selecionado, clique no botão **«Restaurar a gama de valores predefinida»** no painel de mapas. Se os valores máximo e mínimo da faixa visível para o tipo de mapa selecionado correspondem aos valores padrão, o botão **«Restaurar a gama de valores predefinida»** não está disponível.

Para reduzir o painel de mapas, clique no botão **«Minimizar»** ; para expandí-lo, clique no botão **«Maximizar»** .

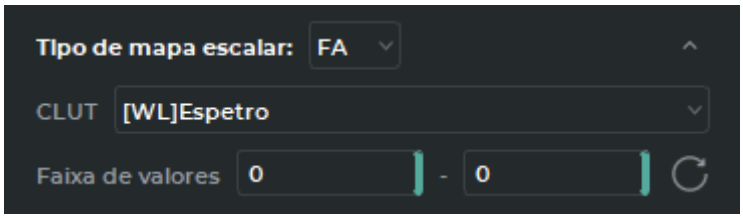


Figure 5.33: Painel de Mapas DTI

É possível medir valores de intensidade em mapas escalares de três maneiras:

- mova o cursor sobre um ponto selecionado no mapa escalar. O valor de intensidade no ponto sob o cursor é exibido como a segunda linha no canto inferior esquerdo da janela de visualização em que fica o cursor. O valor de intensidade no ponto sob o cursor é exibido quando a opção **«Mostrar valor do ponto»** está ativada (veja Secção 2.27);
- meça o valor da intensidade no ponto selecionado do mapa escalar usando a ferramenta **«Valor de ponto»** no painel de ferramentas (veja Secção 2.19.6);
- meçã o valor de intensidade média da área selecionada no mapa escalar usando as ferramentas do grupo **«ROI ...»** (**«Retângulo»** , **«Elipse»** , **«Polígono»**) no painel de ferramentas (veja Secção 2.19.7).

5.22.7 Construção de superfície

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O DICOM Viewer permite construir superfícies de fibras na janela de reconstrução multiplanar

Destaque um grupo de fibras ou ROI que faça parte do grupo de fibras selecionado. Uma grade poligonal é construída para um grupo de fibras. Alterar a visibilidade de ROI em um grupo de fibras não afeta a superfície renderizada.

A cada fibra corresponde uma figura volumétrica. A superfície poligonal é construída com base no diâmetro da fibra e no número de pontos em seu contorno.

Para configurar os parâmetros de superfície do modelo da grade, clique no botão **«Converter tratos para malha poligonal»** no painel **«Fibras»**. Na janela de diálogo de inserção de parâmetros do modelo de gradepara inserir os parâmetros do modelo de grade (Fig. 5.34) marque:

- **Pontos de contorno de fibras** varia de 3 a 360. Na maioria dos casos, 6 pontos são suficientes para alta precisão. Com o aumento do número de pontos, a precisão do

modelo, o tempo de cálculo e a quantidade de memória utilizada aumentam em proporção direta;

- **Diâmetro de fibra** variando de 0,01 a 10 mm.

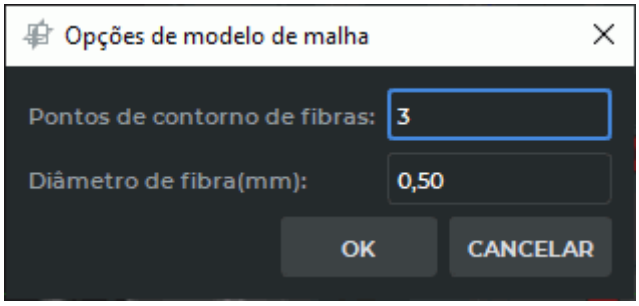


Figure 5.34: Caixa de diálogo para inserir parâmetros do modelo de grade

Clique em **«OK»** para aplicar as configurações ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

A superfície é construída para o grupo de fibras selecionado e adicionada à lista no painel de estruturas segmentadas. O nome da superfície, assim como qualquer estrutura sem modelo 3D, é exibido em itálico. O nome da superfície é copiado do nome do grupo no painel de fibras.

No modo de reconstrução multiplanar, a visualização da superfície construída está disponível. Para abrir a reconstrução 3D, clique no botão **«3D»** na barra de ferramentas.

A janela **«Visualização 3D»** que se abre exibe o modelo volumétrico. Para obter mais informações sobre a configuração de posicionamento das janelas de planos de projeção na aba **«Reconstrução MPR»**, veja Seção 5.2.1.

As ações com estruturas na lista de estruturas segmentadas são descritas na Seção 6.4. As superfícies criadas podem ser exportadas e importadas. Para uma descrição detalhada da exportação e importação de superfícies e estruturas, consulte 6.7. Salvar e abrir projetos de segmentação e DTI é descrito na Seção 6.11.

5.22.8 Criando um modelo de voxel de fibras

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O DICOM Viewer permite construir modelos de fibra voxel na janela de reconstrução multiplanar.

Selecione um grupo de fibras ou ROI dentro do grupo de fibras selecionado. Um modelo de voxel é construído para um grupo de fibras. Uma mudança na visibilidade dos ROI em um grupo de fibras não afeta o modelo construído.

Para construir um modelo de voxel, clique no botão **«Voxelizar tratos»** no painel **«Fibras»**.

Um modelo de voxel é construído para o grupo de fibras selecionado e adicionado à lista no painel de estruturas segmentadas. O nome da estrutura é copiado do nome do grupo no painel de fibras.

Para construir um modelo de voxel baseado em todas as fibras, selecione o grupo **«Todas as fibras»** e clique no botão **«Voxelizar tratos»** no painel **«Fibras»**.

Um modelo de voxel é construído para o grupo de fibras selecionado **«Todas as fibras»** e adicionado à lista no painel de estruturas segmentadas com o nome **«Tractografia DTI»**.

No modo de reconstrução multiplanar, é possível visualizar o voxel construído. Para abrir a reconstrução volumétrica, clique no botão **«3D»** na barra de ferramentas.

A janela **«Visualização 3D»** que se abre exibe o modelo volumétrico. Para obter mais informações sobre a configuração de posicionamento das janelas de planos de projeção na aba **«Reconstrução MPR»**, veja Seção 5.2.1.

As ações com estruturas na lista de estruturas segmentadas são descritas na Seção 6.4. As superfícies criadas podem ser exportadas e importadas. Para uma descrição detalhada da exportação e importação de superfícies e estruturas, consulte 6.7. Salvar e abrir projetos de segmentação e DTI é descrito na Seção 6.11.

5.22.9 Salvando dados em um arquivo

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O DICOM Viewer permite salvar ROI e grupos em um arquivo com a extensão «spj». Salvar e abrir arquivos é descrito na Seção 6.11. Quando um arquivo é aberto, os dados que ele contém são adicionados aos dados no painel **«Fibras»**.

Para guardar um arquivo com a extensão «spj» em um formato compatível com versões anteriores do DICOM Viewer (até e incluindo a versão 2.17), clique no botão **«Configurações da Imagem por Tensor de Difusão (DTI)...»** no painel **«Fibras»**. Na janela de diálogo que se abre ative a opção **«Guardar dados da Imagem por Tensor de Difusão (DTI) de fibras em regime de compatibilidade com versões antigas do visualizador»**. Clique em **«OK»** para aplicar as configurações ou em **«CANCELAR»** para desistir.

Chapter 6

Segmentação

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A segmentação é a divisão de um objeto em suas partes componentes para conveniência de pesquisa e modelagem.

Tarefas que a segmentação ajuda a resolver:

- análise de uma área separada de tecidos com uma certa gama de densidades. Muitas vezes, essa área tem uma forma complexa e está escondida dentro de outros tecidos, por isso é difícil ou impossível selecioná-la usando ferramentas de corte. São dentes e suas raízes, tumres, ossos, vasos sanguíneos;
- cálculo do volume de tecidos, por exemplo, tumres;
- análise da posição relativa de tecidos que não podem ser vistos ao mesmo tempo;
- sobreposição (fusion) do segmento no modelo completo para ver sua localização dentro dos tecidos;
- exportação da superfície da estrutura para seu uso posterior, por exemplo, para impressão 3D;
- importação de objetos que são utilizados no tratamento para simular sua localização nos tecidos. Um exemplo são os parafusos pediculares;
- separação de tecidos em fragmentos separados para facilitar a análise;
- corte de tecidos em uma máscara construída com base em uma estrutura segmentada.

Para resolver as tarefas acima, a funcionalidade do DICOM Viewer permite que você construa estruturas segmentadas automática e manualmente.

A segmentação tecidual é possível nas janelas de reconstruções volumétricas e multiplanares. Ambas as janelas funcionam com a mesma estrutura segmentada, para que você possa usar as vantagens de ambas as janelas para construí-las, alternando entre elas.

Na Fig. 6.1 mostra a raiz segmentada para o dente esquerdo em amarelo. Na Fig. 6.2, os rins são mostrados em amarelo e verde, e para o volume principal dos tecidos , é escolhida uma tabela de cores, na qual os ossos são mais visíveis e outros órgãos internos são quase invisíveis.

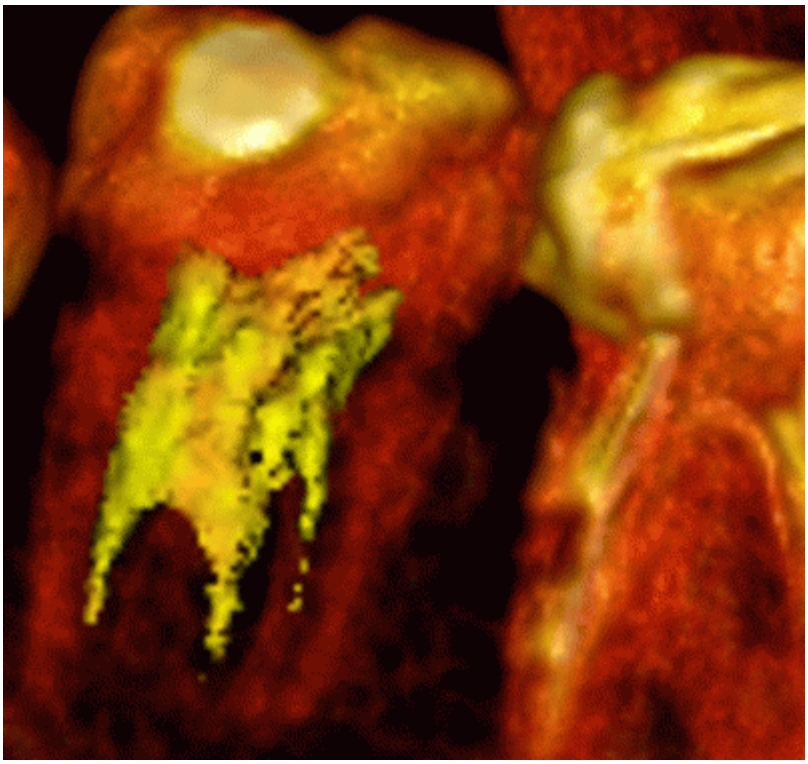


Figure 6.1: Raiz do dente segmentada

Figure 6.2: Rins segmentados

6.1 Painel de segmentação

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para abrir o painel de estruturas segmentadas nos separadores **«Reconstrução MPR»** e **«Reconstrução volumétrica»**, clique no botão **«Painel de segmentação»** na barra de ferramentas.

O painel de estruturas segmentadas para o separador **«Reconstrução MPR»** é apresentado na Fig. 6.3. No separador **«Reconstrução volumétrica»** o painel tem um aspeto semelhante ao do separador **«Reconstrução MPR»** exceto que o elemento aninhado **«MPR»** não é apresentado para o volume principal.

Botões no painel de estruturas segmentadas:

	O botão **«Parâmetros»** abre o menu de contexto que permite definir os parâmetros de criação de superfícies e de exportação/importação (ver Secção 6.7).
	O botão **«Salvar projeto de segmentação ao arquivo»** abre a caixa de diálogo para salvar o projeto de segmentação em um arquivo (veja a Seção 6.11).
	O botão **«Abrir projeto de segmentação de arquivo»** abre a caixa de diálogo para abrir um projeto de segmentação a partir de um ficheiro (ver Secção 6.11).
	O botão **«Adicionar nova estrutura»** cria uma estrutura com uma máscara vazia.
	O botão **«Criar superfície para o segmento atual»** cria uma superfície para uma estrutura selecionada ou para o volume principal.
	O botão **«Importar máscaras do conjunto de máscaras DICOM RT...»** importa a máscara da estrutura segmentada do DICOM RT (consulte a Secção 6.7.7).
	O botão **«Importar superfície(s)»** importa modelos poligonais a partir de ficheiros ply, obj ou stl.
	Botão **«Duplicar estrutura/Duplicar máscara/Duplicar superfície»**. Dependendo do elemento selecionado no painel de segmentação, ele executa copiar toda a estrutura, apenas a máscara ou apenas a superfície para uma estrutura separada (veja a Secção 6.3.1). Se a estrutura ou o volume principal estiver selecionado, a máscara e a superfície (se tiver sido construída) são copiadas para a nova estrutura. Se selecionar**«MPR»**, **«Volume básico»** ou **«Máscara»** na lista, apenas a máscara é copiada para a nova estrutura. Se o elemento **«Superfície»** for selecionado na lista, apenas a máscara e a superfície (se tiver sido construída) são copiadas para a nova estrutura.
	O botão **«Restaurar o volume básico por máscara»** traz o volume principal para a vista da estrutura segmentada selecionada.Para o separador **«Reconstrução MPR»**, a janela **«Visualização 3D»** deve estar activada.
	Botão **«Remover estrutura/Remover superfície»**. Dependendo do elemento selecionado na lista hierárquica, remove toda a estrutura ou apenas a superfície. Ao eliminar uma estrutura, é apresentada uma caixa de diálogo para confirmar a eliminação.
	O botão **«Exportar»** abre o menu para exportar superfícies e máscaras.
	Botão **«Ocultar todas as máscaras/Mostrar todas as máscaras»** oculta/exibe as máscaras para o volume principal e as estruturas no painel de segmentação. Quando todas as máscaras estão ocultas, o ícone muda para um ícone riscado .

	O botão **«Ocultar todas as superfícies/Mostrar todas as superfícies»** oculta a exibição de todas as superfícies para o volume principal e estruturas no painel de segmentação. Quando todas as superfícies estão ocultas, o ícone muda para um ícone riscado .
	O botão **«Ótima visão»** expande todos os itens da lista até ao nível 3 e recolhe todos os itens a partir do nível 3.
	O botão **«Recolher tudo»** recolhe todos os itens da lista no painel de segmentação exceto os elementos da camada.
	O botão **«Expandir tudo»** expande todos os itens da lista recolhidos no painel de segmentação.
	O botão **«Posicionamento de modelo poligonal»** altera a orientação espacial e a escala da superfície importada (apenas para a janela de reconstrução volumétrica). A ferramenta pode ser activada com o botão esquerdo, direito ou com o botão do meio do rato. Para continuar a trabalhar com a ferramenta utilize o botão que foi utilizado para ativar a ferramenta. Para mais detalhes sobre a gestão de ferramentas, consulte a Secção 1.14.

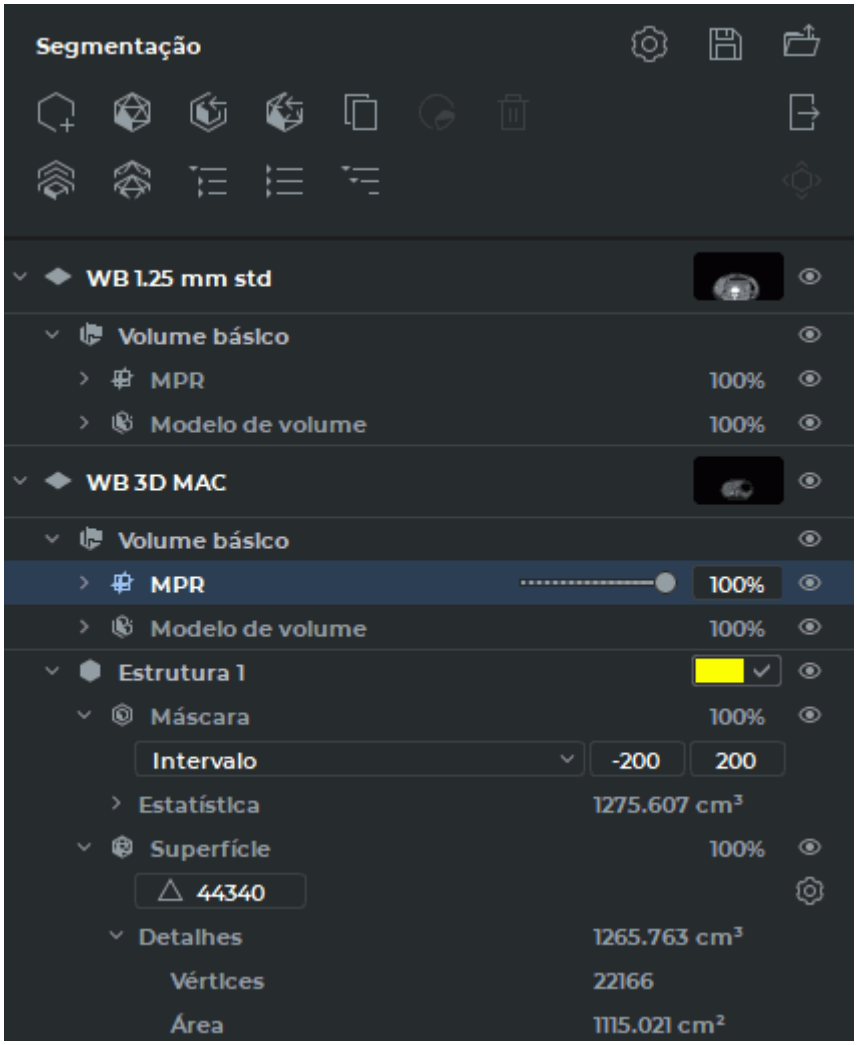


Figure 6.3: Painel de segmentação

A lista hierárquica de elementos no painel de estruturas segmentadas consiste numa lista de camadas e numa lista de estruturas segmentadas para cada camada.

Por defeito, a lista de elementos é apresentada na forma ótima (todos os elementos da lista são expandidos até ao 3 nível de encaixe). Para a expandir completamente, clique no botão **«Expandir tudo»** no painel de estruturas segmentadas. Para expandir elementos individuais da lista, clique na seta à esquerda do nome do elemento.

A linha da camada apresenta uma descrição da camada, uma miniatura da série da camada e um botão de alteração da visibilidade da camada e de todos os elementos secundários pertencentes a esta camada. Camada inclui o volume principal e uma lista de estruturas segmentadas. Uma camada é constituída por:

- **«Volume básico»**. A linha apresenta um botão de visibilidade para o volume principal e todos os elementos secundários. Se tiver sido criada uma superfície no volume principal, o símbolo é apresentado na linha. A cor da superfície corresponde à cor

do modelo de origem do modelo de origem e pode ser definida uma cor personalizada para a mesma (ver Secção 6.4).
O elemento **«Volume básico»** inclui os seguintes elementos:

- **«MPR»**. Apresentado apenas no separador **«Reconstrução MPR»**. Contém botão para alterar a visibilidade do próprio elemento, de todos os elementos filhos e um campo com o valor atual da opacidade nas janelas MPR. Ao passar o cursor do rato sobre a linha do elemento, é apresentado um cursor deslizante. A alteração da opacidade é efetuada deslocando o cursor ou introduzindo um valor numérico em percentagem.
  O MPR inclui os seguintes elementos:
  * controlo das definições da tabela de cores para o separador **«Reconstrução MPR»**;
  * **«Estatística»**. Este elemento contém os resultados das medições do volume principal volume. Para além do volume dos voxels visíveis, os valores mínimo, máximo e médio da intensidade, bem como os valores padrão da intensidade, são também incluídos, desvio padrão dos valores de intensidade. Corte de uma parte dos tecidos do modelo com a ferramenta **«Caixa de Corte»** afeta apenas as estatísticas para o volume principal e não afeta as estatísticas para estruturas segmentadas;
- **«Volume básico»**. Contém um botão para controlar a visibilidade do volume principal e um campo com o valor atual da opacidade na janela **«Visualização 3D»** e no separador **«Reconstrução volumétrica»**. Quando se move o cursor do rato sobre uma linha de itens, é apresentado um cursor. A opacidade pode ser alterada movendo o seletor ou introduzindo um valor numérico em percentagem.
  O modelo volumétrico inclui os seguintes elementos:
  * controlo das definições da tabela de cores para a janela **«Visualização 3D»** e o separador **«Reconstrução volumétrica»**;
  * **«Estatística»**. Este elemento contém os resultados das medições básicas de volume. Para além do volume dos voxels visíveis, os valores mínimo,valores de intensidade mínima, máxima e média, bem como o desvio padrão dos valores de intensidade. Corte de uma parte dos tecidos do modelo com a ferramenta **«Caixa de Corte»** afeta apenas as estatísticas do volume básico e não afeta as estatísticas das estruturas segmentadas;
- **«Superfície»** (se criada). Contém um botão para controlar a visibilidade e um campo com o valor atual da opacidade. Quando se passa o cursor do rato sobre uma linha de elemento, é apresentado um cursor deslizante. A opacidade é alterada movendo o seletor ou introduzindo um valor numérico em percentagem.
  A superfície inclui os seguintes elementos:
  * campo para alterar o número de triângulos a partir dos quais a superfície é construída superfície;
  * botão **«Alterar parâmetros de criação de superfície»** para chamar a caixa de diálogo para definir os parâmetros da superfície;
  * **«Detalhes»**. Este elemento contém informações sobre o volume dos voxels, em torno dos quais a superfície é construída, o número de vértices e a área da superfície.

A linha da estrutura segmentada **«Estrutura»** apresenta o nome da estrutura,controlos de cor e um botão para alterar a visibilidade da estrutura e dos seus elementos. A estrutura segmentada inclui os seguintes elementos:

- o elemento **«Máscara»**. destina-se a controlar o modelo de voxel de uma estrutura segmentada e é semelhante em estrutura ao elemento **«Volume básico»**. Contém um botão para controlar a visibilidade da máscara . Ao colocar o cursor do rato sobre a linha do elemento, é apresentado o valor atual da opacidade da máscara. A opacidade pode ser alterada movendo o cursor ou introduzindo um valor numérico em percentagem.

- **«Superfície»**. O elemento destina-se a controlar as definições de superfície e tem uma estrutura semelhante à do elemento **«Superfície»** da camada.

6.2 Máscara

6.2.1 Criar uma nova estrutura e máscara

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

1. Clique no botão **«Adicionar nova estrutura»** . Abre-se a caixa de diálogo mostrada na Fig. 6.4.

2. Introduza o nome da nova estrutura no campo **«Nome»**. Por defeito, o nome da estrutura é gerado automaticamente com base no modelo: <Estrutura X>, em que «X» é um contador que aumenta de um em um. O primeiro valor é «1».

3. Marque os valores de densidades de tecido para a máscara nele. Você pode personalizar a máscara de uma das três maneiras:

   - usando o modo **«Limite»**. Nesse modo, a máscara é definida para tecidos cuja densidade é maior ou menor que o valor limite especificado. Para definir a máscara para tecidos com densidade menor que o limite, selecione a configuração **«Intensidade baixa»**, e vice-versa. Marque o limite;

   - usando o modo **«Intervalo»**. Neste modo, a máscara é configurada para tecidos cuja densidade esteja na faixa de mínimo a máximo;

   - usando tabelas de cores. Neste modo, uma máscara é construída para os tecidos exibidos para a tabela de cores selecionada.

4. Clique em **«OK»** para criar uma nova estrutura e máscara ou **«CANCELAR»** para cancelar a ação.

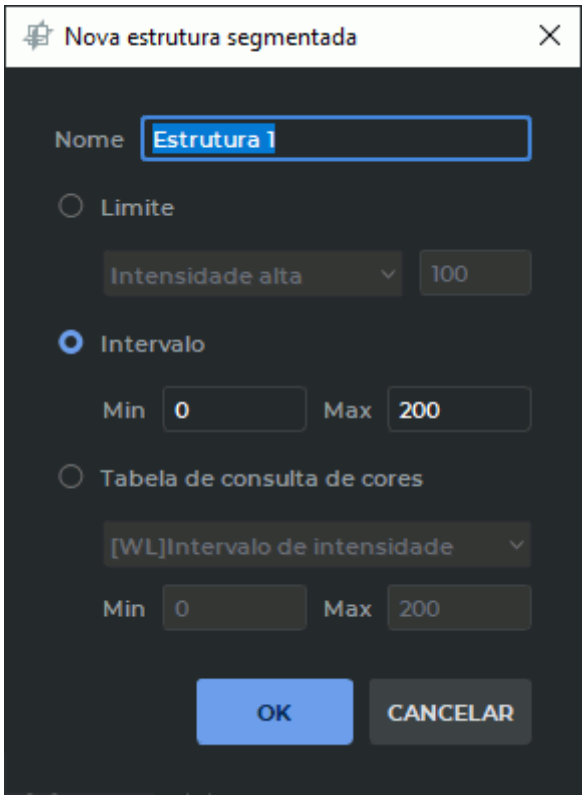


Figure 6.4: Confguração da máscara

6.2.2 Alterar a máscara de estrutura utilizando tabelas de cores

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

É possível modificar a máscara ecrã da estrutura atual de várias formas:

1. Com a ferramenta **«Ajustar Janela/Nível»**:
   (a) Selecione a estrutura desejada no painel de estruturas segmentadas.
   (b) Clique no botão**«Ajustar Janela/Nível»** na barra de ferramentas.
   (c) Altere a largura e o nível da janela para a máscara de edição (consulte a Seção 2.17). Na janela MPR, a máscara verde muda em tempo real.
2. Selecionando uma tabela de cores na lista pendente (consulte a Seção 2.23.1) ou usando a ferramenta **«Janela/Nível personalizado»** (Seção 2.17).
3. Na árvore de propriedades no painel de estruturas segmentadas (Fig. 6.5):
   (a) Expanda a lista de propriedades de estrutura segmentada.
   (b) Na lista suspensa, selecione um dos modos de máscara de edição ou a tabela de cores desejada:

- nos modos **«Intensidade alta»** e **«Intensidade baixa»** uma máscara de edição é definida para tecidos cuja densidade está acima ou abaixo do valor limite;
- nos modos **«Intervalo»** uma máscara de edição é definida para tecidos cuja densidade está na faixa de valores especificados;
- nos modos **«Tabelas de consulta de cores»** construída uma máscara de edição para os tecidos exibidos para a tabela de cores selecionada.

(c) Para alterar o valor do limite de intervalo ou densidade, clique vezes com o botão esquerdo do mouse nos valores numéricos (destacados com uma moldura vermelha na Fig. 6.5). Digite os valores numéricos desejados e pressione a tecla **«Enter»** no teclado.

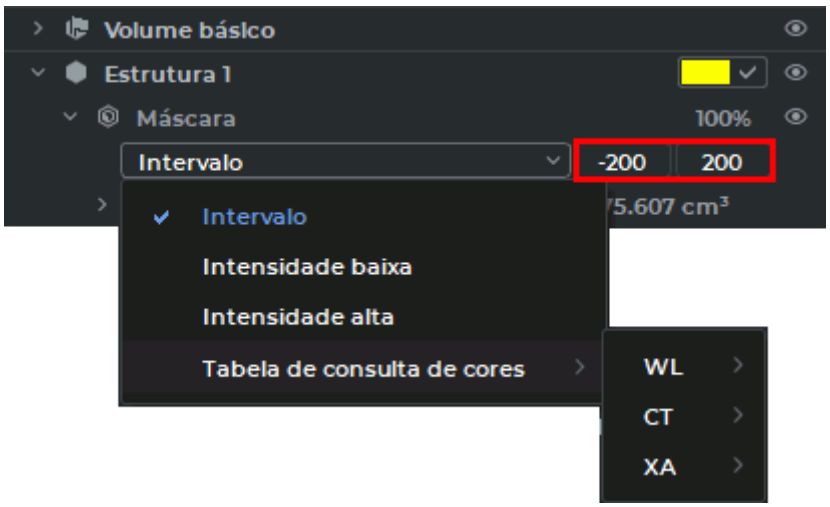


Figure 6.5: Editando a máscara de estrutura segmentada

A alteração dos parâmetros da máscara de edição (tabela de cores, valores de limite de intensidade ou intervalo) é realizada para cada estrutura segmentada. O tipo de tabela de cores e o modo de máscara de edição da estrutura segmentada atualmente selecionada são exibidos no painel de configurações de visualização

4. Na janela de reconstrução volumétrica, usando a ferramenta **«Definir máscara»** (Seção 6.2.4).

A visibilidade da máscara de edição da estrutura atual pode ser alterada utilizando o painel de definições da máscara de edição (ver Secção 6.2.3).

6.2.3 Edição da máscara

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para construir uma estrutura, é utilizada uma máscara de edição — um modelo, fora do qual a máscara de estrutura não é visível.

Na janela de reconstrução volumétrica, a máscara de edição não é visível, na janela MPR é é exibida na cor verde na janela MPR. Se necessário, ela pode ser invertida, então os tecidos que não estão sob a máscara de edição são exibidos na cor verde. Para inverter a máscara de edição, defina o sinalizador **«Inverter máscara de edição em MPR»** (Secção 16.7.3).

A máscara de edição pode ser alterada em qualquer altura (ver Secção 6.2.2). Se a máscara de edição for reduzida e a estrutura se estender para além dos limites da máscara de edição, esta parte da estrutura torna-se invisível e não é tida em conta nos cálculos. No entanto não é apagada e torna-se novamente visível quando a máscara de edição é aumentada.

A visibilidade da máscara de edição da estrutura atual pode ser alterada utilizando o painel de definições da máscara de edição (Fig. 6.6). O painel está localizado na parte inferior do painel de estruturas segmentadas e está disponível apenas no separador **«Reconstrução MPR»**.

Figure 6.6: Painel de definições da máscara de edição

Existem duas formas de alterar a visibilidade da máscara de edição:

- mover o cursor ou rodar a roda do rato quando o cursor está sobre a linha do controlo deslizante;
- introduzir um valor de opacidade no campo à direita do cursor.

O nível de opacidade da máscara de edição é apresentado como uma percentagem.

Para exibir o contorno da máscara de edição, defina a bandeira **«Contorno»**.

Para ocultar a máscara de edição, clique no botão **«Ocultar máscara»** no painel de definições da máscara de edição. Para exibir a máscara de edição, clique no botão **«Mostrar máscara»** .

O botão **«Ocultar máscara»** não está disponível quando uma das ferramentas de edição de segmentação ou volume está ativa.

Para minimizar o painel de definições da máscara de edição, clique no botão **«Ocultar»** . Para recolher o painel de definições da máscara de edição, e o botão **«Mostrar»** para expandir o painel recolhido.

6.2.4 Ferramenta «Definir máscara»

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A ferramenta está disponível apenas para a janela de reconstrução do volume. Para definir uma estrutura ou o volume principal com uma estrutura diferente, execute os seguintes passos:

1. Na lista de estruturas, selecionar a estrutura (volume principal) para a qual se pretende alterar a máscara.
2. Clique no botão **«Definir máscara»** . Abrir-se-á a caixa de diálogo mostrada na Fig. 6.7.
3. Selecione na lista a estrutura (volume principal) que pretende definir como máscara
4. Prima **«OK»** para confirmar ou **«CANCELAR»** para cancelar a ação.

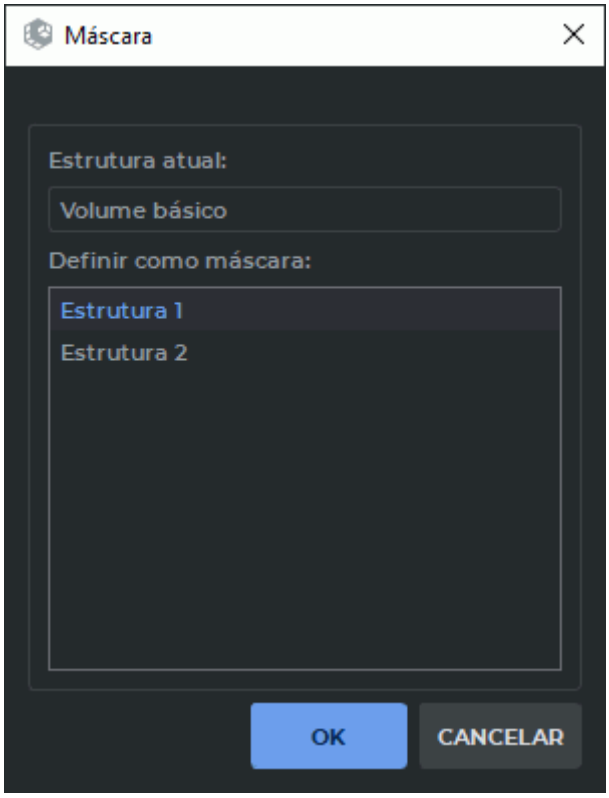


Figure 6.7: Diálogo de seleção de máscara

6.3 Criando uma estrutura segmentada

6.3.1 Criando uma estrutura por cópia

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Ao criar uma estrutura por cópia, é criada uma nova estrutura, para a qual, dependendo do elemento selecionado na lista, a estrutura atual é copiada na sua totalidade (a máscara da estrutura atual e a superfície, se tiver sido construída), apenas a máscara da estrutura ou apenas a superfície da estrutura. Para criar uma estrutura, siga estas etapas:

1. Abra o painel de segmentação clicando no botão **«Painel de segmentação»** .
2. Selecione o volume principal ou o previamente construído como volume inicial.
3. Clique no botão **«Duplicar estrutura»** no painel de estruturas segmentadas ou posicionar o cursor do rato sobre a estrutura na lista, clicar com o botão direito do rato e seleccionar **«Duplicar estrutura»** no menu de contexto. Dependendo do elemento selecionado, toda a estrutura ou apenas a superfície é copiada para uma estrutura separada.

Se for selecionado «Structure» ou «Base volume», a máscara e a superfície (se tiver sido construída) são copiadas para a nova estrutura.
Se selecionar «MPR», «Modelo de volume» ou «Máscara» na lista, apenas a máscara é copiada para a nova estrutura.
Se o elemento «Surface» estiver selecionado na lista, apenas a superfície é copiada para a nova estrutura.

6.3.2 Criar uma estrutura com uma máscara vazia

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para criar uma estrutura com uma máscara vazia, siga os passos abaixo:

1. Abra o painel de segmentação clicando no botão **«Painel de segmentação»** .
2. Clique no botão **«Adicionar nova estrutura»** . Na caixa de diálogo que se abre, configure a máscara (consulte a Seção 6.2.1). É criada uma estrutura com uma máscara vazia e uma máscara de edição com os parâmetros especificados.
3. Preencha a estrutura usando as ferramentas de edição de volume (Seção 6.8).

6.4 Ações comas estruturas

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite que você execute as seguintes ações com estruturas:

- Renomear. Pode ser efectuado de duas formas:
  - clicar duas vezes com o botão esquerdo do rato no nome da estrutura. Introduzir um novo nome e pressione a tecla **«Enter»** no teclado;
  - posicionar o cursor do rato sobre a estrutura na lista, clicar com o botão direito do rato e seleccionar **«Renomear estrutura»** no menu de contexto. Introduzir um novo nome e pressione a tecla **«Enter»** no teclado.
- Desative a visibilidade. O botão de visibilidade (indicado por uma seta na Fig. 6.8) desactivar a visibilidade da máscara e da superfície para esta estrutura. Esta ação também está disponível para o volume principal. O botão de um item que tem a visibilidade desativada tem a seguinte forma .

  A alteração do estado de visibilidade de qualquer elemento da lista não afeta o estado dos botões de visibilidade dos seus elementos superiores. Desativar a visibilidade de um elemento parental oculta a visibilidade das filiais. Neste caso, o botão de visibilidade dos elementos filhos, cuja visibilidade não é desativada pelo utilizador, tem a seguinte forma para maior clareza: .

  Quando os projetos são guardados, o estado de visibilidade é mantido na lista de segmentação:
  - âmbito principal;
  - MPR;
  - camadas;
  - estruturas.

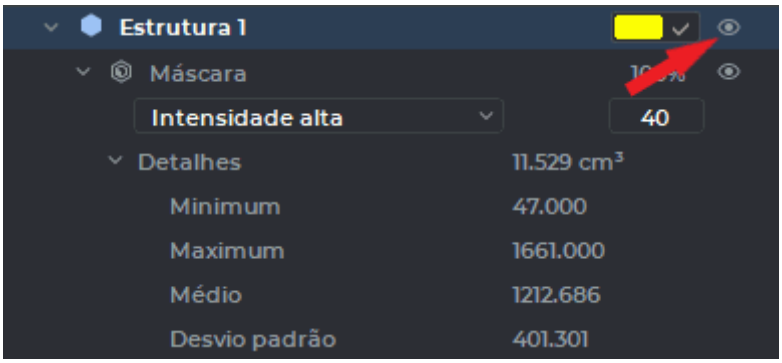


Figure 6.8: Botão para alterar a visibilidade da máscara e superfície de estrutura

- Mudança de cor. Para fazer isso, siga estas etapas:

  1. Para definir a cor do modelo inicial, marque a opção na linha da estrutura (indicada por uma seta na Fig. 6.9). Para alterar a cor, clique no rectângulo colorido na barra de contorno e selecione a cor desejada.
  2. Para definir a cor do modelo original, desmarque a opção. A cor da máscara e a superfície da estrutura assumem a cor do modelo original.

- Eliminação da estrutura. Pode ser efetuada de duas formas:

  – selecionar a estrutura e clicar no botão **«Remover estrutura/Remover superfície»** no painel de estruturas segmentadas;

  – mover o cursor do rato sobre a estrutura na lista, clicar com o botão direito do rato na estrutura e selecionar o item **«Remover estrutura/Remover superfície»** no menu de contexto. Na caixa de diálogo de confirmação, clique em **«REMOVER»**, para eliminar a estrutura, ou **«CANCELAR»** para cancelar a eliminação.

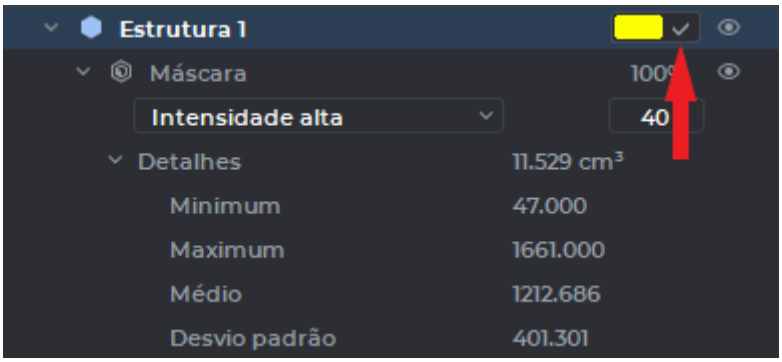


Figure 6.9: Opção de configuração de cor personalizada

Para evitar que a caixa de diálogo de confirmação apareça novamente aquando da eliminação de uma estrutura, **«Não mostrar mais este aviso»**. Para que a caixa de diálogo apareça novamente, defina a opção **«Confirm on the structure removing»** nas definições (Secção 16.7.3).

6.5 Construção de superfície

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite construir superfícies para o volume principal e estruturas segmentadas nas janelas de reconstrução volumétrica e multiplanar. Em séries multifásicas, é possível traçar a superfície para o volume principal de cada fase.

Atenção! A transparência das superfícies não é suportada:

- **se a CPU for selecionada como o dispositivo de visualização;**
- **se o programa estiver instalado em um sistema operacional da família macOS inferior a 10.15.**

Nos sistemas operacionais macOS versão 10.15 e mais recentes, é recomendado utilizar o aparelho de visualização com a ajuda do renderizador poligonal e de voxel Metal. As configurações estão descritas na Seção 16.7.3.

Selecione na lista de estruturas segmentadas o volume principal ou estrutura para a qual deseja criar uma superfície.

Para personalizar os parâmetros padrão utilizados para a construção da superfície, clique no botão **«Parâmetros»** no painel das estruturas segmentadas e selecione o item **«Parâmetros de superfície padrão...»**. Na janela de diálogo aberta (Fig. 6.11) definir os parâmetros de construção de superfície predefinidos.

Para construir uma superfície, clique no botão **«Criar superfície para o segmento atual»** na lista de estruturas segmentadas. A superfície é construída de acordo com as definições actuais.

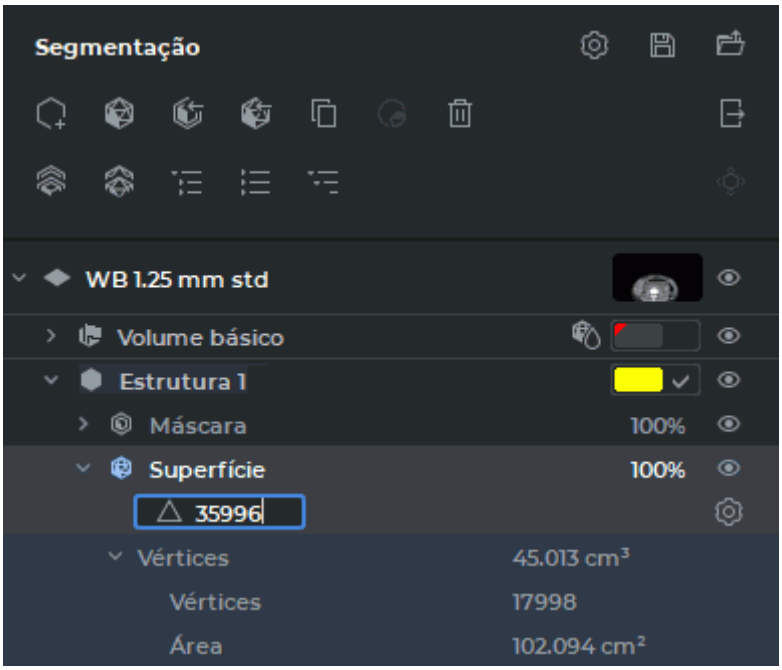


Figure 6.10: Parâmetros de superfície

Para alterar individualmente os parâmetros de construção de cada uma das superfícies construídas, expanda a árvore de propriedades da grade no painel de estruturas segmentadas (Fig. 6.10). Pressione o botão **«Alterar parâmetros de criação de superfície»**.

Definir os parâmetros de superfície na caixa de diálogo que aparece (Fig. 6.11).

- a suavidade da superfície é definida pelo parâmetro **«Contagem de passos de alisamento»**. Em um valor zero do parâmetro, a forma da superfície é a mais próxima possível da estrutura. À medida que o valor aumenta, as irregularidades da superfície desaparecem;

- se a opção**«Interpolar posições de vértices»** estiver marcada (definido por padrão), a superfície será suavizada no limite do volume;

- para construir uma superfície apenas para a maior estrutura, marque a opção **«Remover volumes secundários»**;

- para preencher vazios e cavidades no volume, marque a opção **«Preencher cavidades»**. Equivale a usar a ferramenta **«Preencher»** (consulte a Seção 3.8.7);

- para remover pequenos vazios, marque a opção **«Executar fechamento morfológico»**. A opção equivale a usar a ferramenta **«Remover furos (fechamento)»** (consulte a Seção 3.8.7). O volume do modelo é aumentado sucessivamente e depois diminuído por um determinado valor do raio de operação (em milímetros ou voxels). As dimensões externas e a forma da superfície não mudam;

- para remover defeitos da superfície externa, marque a opção **«Executar abertura morfológica»**. A opção é equivalente a usar a ferramenta **«Remover ruído (abertura)»** (consulte 3.8.7). O volume do modelo é reduzido sequencialmente e depois aumentado por um determinado valor do raio de operação (em milímetros ou voxels). As dimensões externas e a forma da superfície não mudam;

- e a opção **«Aplicar caixa de corte atual»** estiver definida, então a superfície é construída apenas para aquela parte da estrutura que está dentro do cubo de visibilidade.

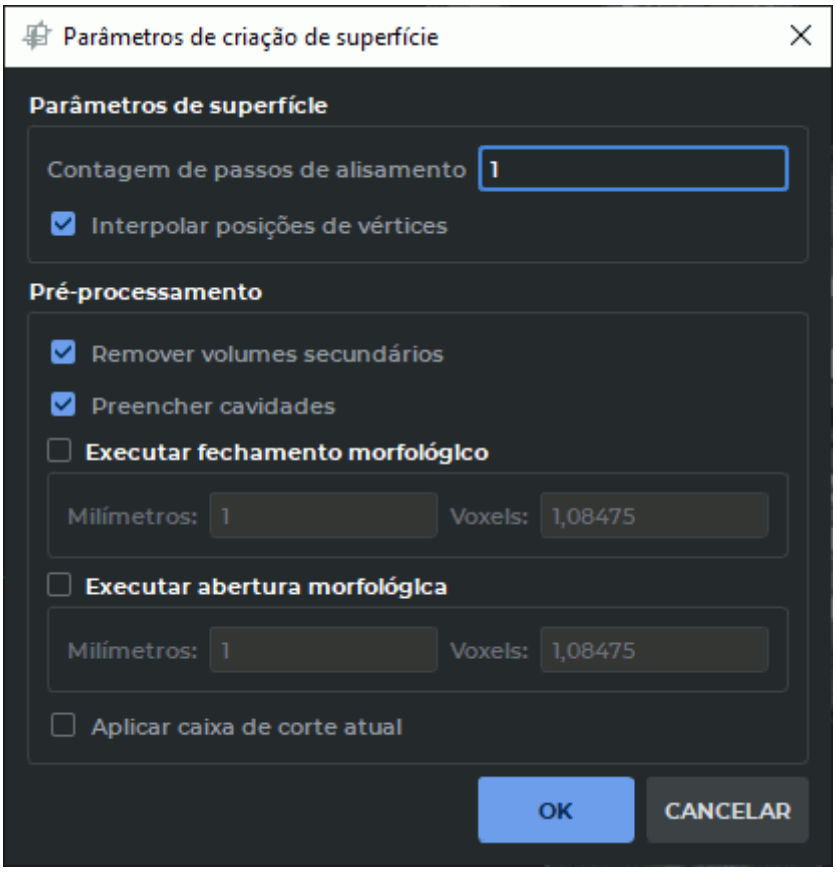


Figure 6.11: Parâmetros de criação de superfície...

Clique em **«OK»** para construir a superfície ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

Ao salvar o projeto da segmentação em um arquivo, todos os parâmetros da superfície são salvos. Para obter mais informações sobre como salvar um projeto, consulte 6.11.

A superfície é representada por um modelo poligonal composto por triângulos.

O programa seleciona automaticamente o máximo número possível de triângulos para construir uma superfície que repita a superfície de um modelo tridimensional. A alteração do número de triângulos a partir dos quais a superfície é construída é feita no painel de estruturas segmentadas.

Para alterar o número de triângulos a partir dos quais a superfície é construída, expanda a árvore de propriedades da grade no painel de estruturas segmentadas (Fig. 6.10).

Clique duas vezes com o botão esquerdo do mouse no valor no campo com um ícone de triângulo.. Altere o valor numérico do número de triângulos e pressione a tecla **«Enter»** no teclado.

Se o número especificado de triângulos for muito grande ou insuficiente para renderizar a superfície, o DICOM Viewer usará o valor no intervalo permitido que estiver mais próximo do valor especificado pelo usuário.

Se for inserido um valor igual a zero, então o programa constrói uma superfície com o máximo número possível de triângulos, que serão exibidos com um ícone de triângulo.

Se a visibilidade para esta estrutura ou superfície estiver desactivada, a edição da grade com as ferramentas de corte, **«Segmentação de ponto por máscara»**, **«Crescimento de região»** e **«Segmentação de árvore de vasos»** é impossível.

É possível editar grades invisíveis apenas com as ferramentas de edição inteligente de volume **«Crescer (dilatação)»**, **«Reduzir (erosão)»**, **«Remover ruído (abertura)»**, **«Remover furos (fechamento)»** (para detalhes, consulte a Seção 3.8.7) e as ferramentas **«Unir»**, **«Subtrair»**, **«Subtrair dilatado»**, **«Intersetar»** (para mais detalhes consulte a Secção 6.9). Nesse caso, aparece a caixa de diálogo **«A estrutura de destino está oculta. Tem certeza que deseja executar a operação sobre ela?»**. Para realizar a operação, clique em **«SIM»**. Para recusar a realização da operação, **«NÃO»**.

6.6 Copiar superfície

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite copiar as superfícies de estruturas segmentadas nas janelas de reconstrução volumétrica e multiplanar. A cópia de superfícies de estruturas segmentadas pode ser feita:

- em uma série de análises;
- em uma série combinada de análises.

Para criar uma cópia de superfície de uma estrutura segmentada dentro da mesma série de análises, faça o seguinte:

1. No painel de estruturas segmentadas, selecione a superfície que deseja copiar.
2. Pressione o botão **«Duplicar superfície»** no painel de estruturas segmentadas ou posicionar o cursor do rato sobre a estrutura na lista, clicar com o botão direito do rato e seleccionar **«Duplicar superfície»** no menu de contexto.

A lista de estruturas segmentadas exibe uma cópia da superfície denominada *«cópia de superfície»*. O nome da cópia de superfície, bem como o nome de qualquer estrutura sem uma máscara de estrutura, é apresentado em itálico.

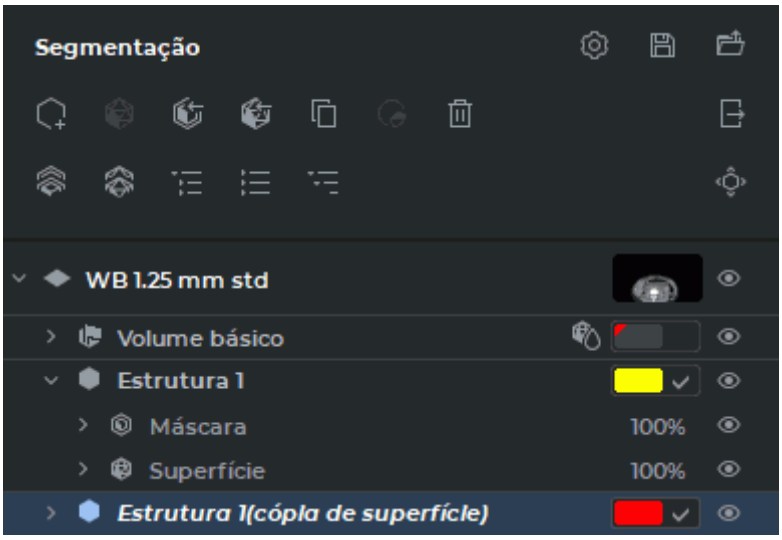


Figure 6.12: Cópia de superfície

Para copiar a superfície de uma estrutura segmentada em uma série mesclada, faça o seguinte:

1. No painel de estruturas segmentadas, selecione a superfície que deseja copiar.

2. Pressione o botão **«Duplicar superfície»** no painel de estruturas segmentadas ou posicionar o cursor do rato sobre a estrutura na lista, clicar com o botão direito do rato e seleccionar **«Duplicar superfície»** no menu de contexto.

3. Caixa de diálogo **«Seleção de camada»** (Fig. 6.13), selecione a camada na qual a superfície será copiada na lista pendente.

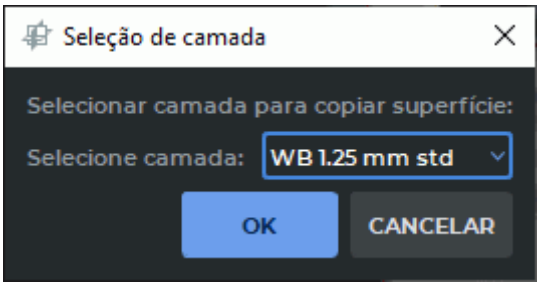


Figure 6.13: Caixa de Diálogo de «Seleção de camada»

4. Clique em **«OK»** para copiar a superfície para a camada selecionada ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

O painel de estrutura segmentada da camada selecionada exibe uma cópia da superfície denominada *«cópia de superfície»*. O nome da cópia de superfície, bem como o nome de qualquer estrutura sem uma máscara de estrutura, é apresentado em itálico.

Para mover a superfície importada manualmente, ative a ferramenta **«Posicionamento de modelo poligonal»** no painel de estruturas segmentadas com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para trabalhar com a ferramenta, use o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Consulte a Seção 1.14. Mantendo o botão esquerdo do mouse pressionado, mova a superfície no plano da tela.

Para dimensionar a superfície, mova o rato para cima e para baixo enquanto mantém o botão premido, que foi utilizado para ativar a ferramenta enquanto mantém premida a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS).

Para rodar a superfície em relação ao seu centro, mova o rato enquanto mantém premido o botão que foi utilizado para ativar a ferramenta enquanto mantém premida a tecla **Alt** (ou a tecla **Option** para o macOS).

Para criar uma estrutura segmentada a partir de uma superfície, posicionar o cursor da cópia da superfície na lista, clicar com o botão direito do rato e seleccionar **«Criar uma máscara por superfície»** no menu de contexto.

As ações com superfícies e estruturas na lista de estruturas segmentadas são descritas na Seção 6.4. Superfícies criadas e copiadas podem ser exportadas e importadas. Uma descrição detalhada da exportação e importação de superfícies e estruturas na Seção 6.7. Salvar e abrir projetos de segmentação e DTI é descrito na Seção 6.11.

6.7 Importação e exportação de superfícies, máscaras de estruturas segmentadas e marcadores

6.7.1 Configuração de parâmetros de exportação

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para configurar os parâmetros de exportação, clique no botão **«Parâmetros»** no painel de estruturas segmentadas e selecione **«Parâmetros de exportação/importação...»**. Na caixa de diálogo que se abre (Fig. 6.14), ajuste os parâmetros de exportação predefinidos:

- para deslocar o ponto de referência (o ponto em relação ao qual a deformação da editores de gráficos vectoriais) para o centro geométrico da superfície, definir a marca **«Centro de superfície»**. O sinal predefinido está desmarcado;

- para incluir as coordenadas do paciente na exportação, defina a opção **«Importar e exportar as superfícies usando as coordenadas do paciente»**. As coordenadas dos pontos de marcadores são exportadas no mesmo sistema de coordenadas que as coordenadas da superfície. O sinaliza-dor é definido por predefinição;

- selecione unidades de medida de coordenadas. Esta configuração afeta a exportação de superfície e marcadores. Por padrão, são predefinidos milímetros. Ao usar metros como unidades de medida, os valores das coordenadas exportadas são reduzidos em mil vezes;

- no bloco **«Marcadores»** selecione da lista o tipo de marcador a ser exportado. Por padrão, são predefinidos todos os tipos. Se as informações dos marcadores são exportadas para um arquivo *.csv*, marque as caixas de exportação de campos adicionais dos marcadores (texto, tamanho do marcador e sua cor) para o arquivo.

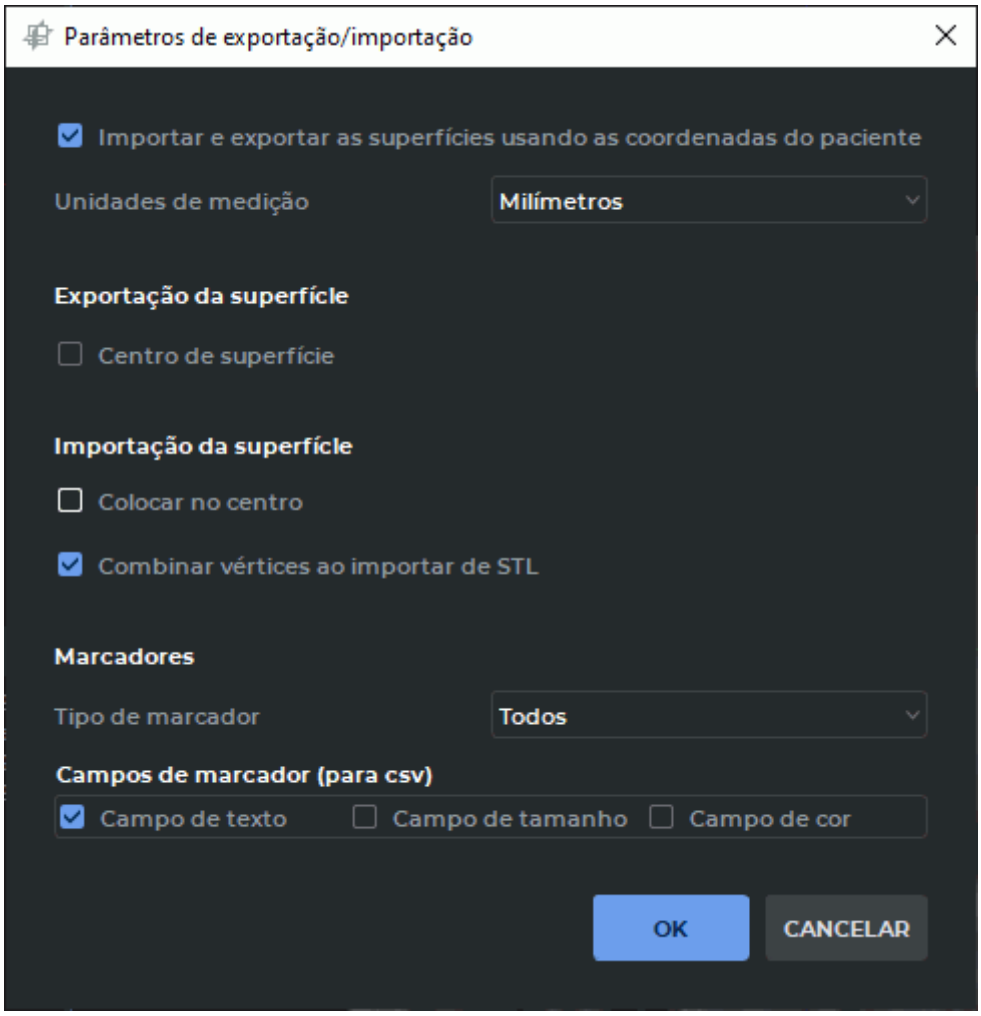


Figure 6.14: A caixa de diálogo para configurar as opções de exportação e importação

Clique em **«OK»** para aplicar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

6.7.2 Exportação de superfície

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Configure os parâmetros de exportação de superfícies na janela de diálogo **«Parâmetros de exportação/importação...»** (veja Secção 6.7.1).

Para exportar a superfície de uma estrutura segmentada, proceda da seguinte forma:

1. No painel Segmented Structures (Estruturas segmentadas), selecione a superfície que pretende exportar.

2. Chame o menu pendente com opções de exportação de uma de duas formas:

   - clique no botão **«Exportar»** no painel de estruturas segmentadas e selecione o tipo de exportação no menu pendente;
   - coloque o cursor do rato sobre a estrutura na lista, clique com o botão direito do rato, selecionar o item **«Exportar»** no menu de contexto e selecionar o tipo de exportação no menu pendente.

Estão disponíveis três opções de exportação de superfície:

- **«Exportar a superfície selecionada»**. Apenas a superfície atualmente selecionada é exportada superfície. A exportação está disponível em formato de ficheiro *.ply*, *.obj*, *.stl* ou *.glb*. Na caixa de diálogo que se abre, selecionar o tipo de ficheiro e guardar a superfície;

- **«Exportar todas as superfícies visíveis»**. Todas as superfícies visíveis são exportadas, para as quais a visibilidade está ativada no painel de estruturas segmentadas. A exportação só está disponível no formato de ficheiro *.glb*;

- **«Exportar todas as superfícies»**. Todas as superfícies do painel de estruturas segmentadas são exportadas. A exportação está disponível apenas para um ficheiro *.glb*.

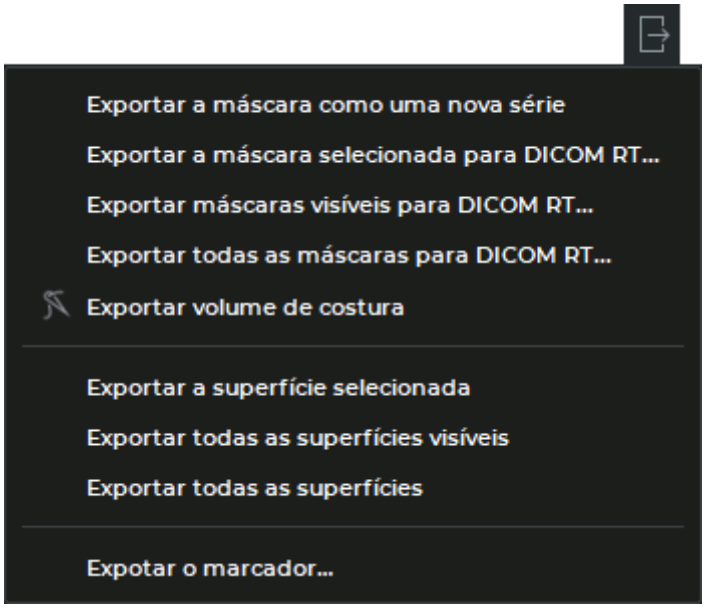


Figure 6.15: Menu Exportar

Se a exportação for efetuada para várias camadas, é preservada a seguinte hierarquia disposição: o primeiro nível contém camadas (com o nome da série correspondente) e o segundo nível contém superfícies.

Para cada superfície, o nome, a cor do vértice e a transparência são guardados ao exportar várias superfícies, o nome, a cor do vértice e a transparência são preservados, o que coincide com a disposição mútua no DICOM Viewer no momento da exportação.

Ao imprimir uma superfície em uma impressora 3D, deve-se levar em consideração que a superfície apresenta erros pelos seguintes motivos:

1. **A precisão da superfície depende do tamanho do voxel e não pode ser superior ao tamanho do voxel.**
2. **Os limites da máscara de estrutura para a qual a superfície é construída são determinados, entre outras coisas, pela tabela de cores para o volume inicial. A escolha errada da cartela de cores pode tornar os tecidos desejados invisíveis e, ao contrário, tornar visíveis os tecidos desnecessários.**
3. **A fronteira entre os tecidos de diferentes densidades é bastante confusa devido à base física do escaneamento de tecidos. O erro pode ser de vários voxels.**
4. **A precisão da construção da superfície é afetada pela suavização e pelo número de triângulos.**

6.7.3 Configuração dos parâmetros de importação

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para configurar os parâmetros de importação, clique no botão **«Parâmetros»** no painel de estruturas segmentadas e selecione **«Parâmetros de exportação/importação...»**. Na caixa de diálogo que se abre (Fig. 6.16), assinale a opção bandeiras:

- para levar em consideração as coordenadas do paciente ao importar, marque a opção **«Importar e exportar as superfícies usando as coordenadas do paciente»**. As coordenadas dos pontos de marcadores são importadas no mesmo sistema de coordenadas que as coordenadas da superfície;
- selecione unidades de medida de coordenadas. Esta configuração afeta a importação de superfície e marcadores. Por padrão, são predefinidos milímetros. Ao usar metros como unidades de medida, os valores das coordenadas importado são reduzidos em mil vezes;
- para combinar os centros da superfície importada e do modelo durante a importação, marque a opção **«Colocar no centro»**;
- para mesclar vértices de triângulo ao importar uma superfície no formato (stl) marque a opção **«Combinar vértices ao importar de STL»**. A opção é definida por padrão;
- no bloco **«Marcadores»** selecione da lista o tipo de marcador a ser importado. Por padrão, são predefinidos todos os tipos. Se as informações dos marcadores são impor-

tadas para um arquivo *.csv*, marque as caixas de importação de campos adicionais dos marcadores (texto, tamanho do marcador e sua cor) do arquivo.

Clique em **«OK»** para aplicar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

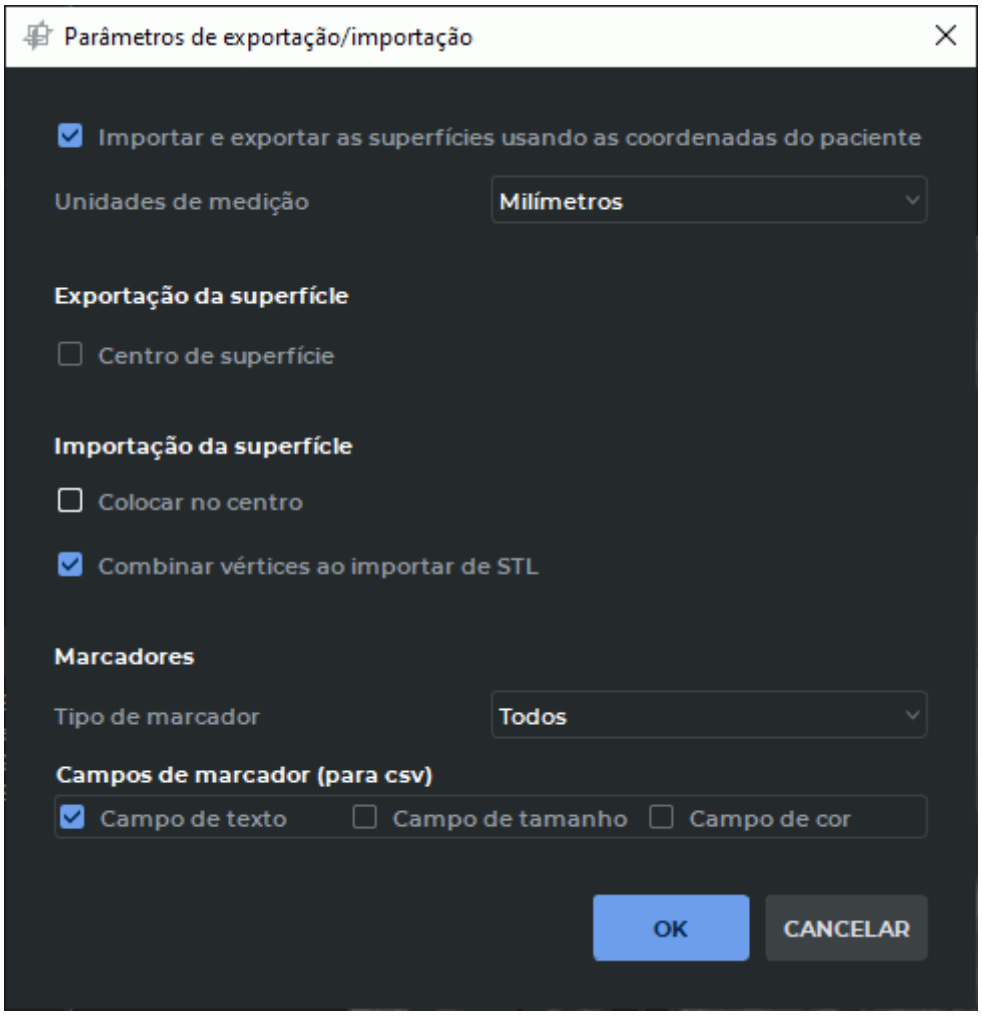


Figure 6.16: A caixa de diálogo para configurar as opções de exportação e importação

6.7.4 Importação de superfície

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Configure os parâmetros de importação de superfícies na caixa de diálogo **«Parâmetros de exportação/importação...»** (consulte a Seção 6.7.3).

Atenção! Ao importar uma superfície, especifique na caixa de diálogo de configurações de importação as unidades de medida das coordenadas que foram definidas durante a exportação.

A importação de superfícies pode ser efetuada de duas formas:

- clicar no botão **«Importar superfície(s)»** . Na caixa de diálogo que se abre, selecione os ficheiros e clique em **«Abrir»**;
- colocar o cursor do rato sobre uma estrutura da lista e clicar com o botão direito do rato sobre ela, selecione **Importar->Importar superfície(s)...** no menu de contexto e, na caixa de diálogo aberta, clique em **«Abrir»**.

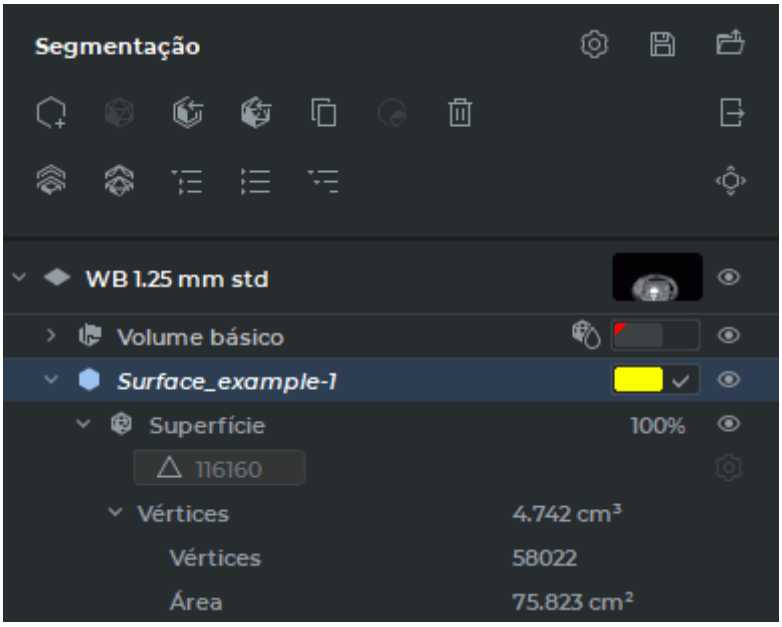


Figure 6.17: Superfície Importada

O nome da cópia de superfície, bem como o nome de qualquer estrutura sem uma máscara de estrutura, é apresentado em itálico. A Fig. 6.17 mostra a superfície importada *Superfície_-example-1*. Você não pode alterar o número de triângulos em uma superfície importada.

Para mover a superfície importada manualmente, ative a ferramenta **«Posicionamento de modelo poligonal»** no painel de estruturas segmentadas com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para trabalhar com a ferramenta, use o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Consulte a Seção 1.14. Mantendo o botão esquerdo do mouse pressionado, mova a superfície no plano da tela.

Para dimensionar a superfície, mova o rato para cima e para baixo enquanto mantém o botão premido, que foi utilizado para ativar a ferramenta enquanto mantém premida a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS).

Para rodar a superfície em relação ao seu centro, mova o rato enquanto mantém premido o botão que foi utilizado para ativar a ferramenta enquanto mantém premida a tecla **Alt** (ou a tecla **Option** para o macOS).

Para criar uma estrutura segmentada a partir de uma superfície, posicionar o cursor da cópia da superfície na lista, clicar com o botão direito do rato e seleccionar **«Criar uma máscara por superfície»** no menu de contexto.

6.7.5 Exportar a estrutura para o estudo atual

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O DICOM Viewer permite exportar estruturas segmentadas para a análise atual como uma nova série ou como um DICOM RT Structure Set IOD.

Para exportar uma estrutura para a análise atual como uma nova série:

1. Selecione a estrutura no painel de estruturas segmentadas.
2. Exporte a estrutura para o estudo atual de uma das seguintes formas:
   - clicar no botão **«Exportar»** no painel de estruturas segmentadas e selecione **«Exportar a máscara como uma nova série»**;
   - mover o cursor do rato sobre a estrutura na lista, clicar com o botão direito do rato, selecione **«Exportar»** no menu de contexto e selecione **«Exportar a máscara como uma nova série»** no menu pendente.

A estrutura exportada é salva no armazenamento local como uma nova série da análise atual. A miniatura da nova série é adicionada às atuais no painel de séries.

A série fundida é exportada no sistema de coordenadas da série da camada de base tendo em conta a sobreposição de layers. O valor da etiqueta *FrameOfReferenceUID* da série exportada coincide com o valor da etiqueta *FrameOfReferenceUID* da série da camada de base.

A estrutura exportada pode ser aberta na aba **«Visualizador de imagens»**, **«Reconstrução volumétrica»** ou **«Reconstrução MPR»**.

A posição das seções na nova série corresponde à janela selecionada no momento em que se aplica o comando **«Exportar a máscara como uma nova série»**. Se a janela **«Visualização 3D»** foi selecionada, então a posição dos planos corresponderá à posição das seções na janela **«Plano axial»**.

6.7.6 Exportação da estrutura para DICOM RT

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para exportar uma estrutura segmentada para DICOM RT:

1. No painel de estruturas segmentadas, selecione a estrutura a ser exportada para DICOM RT.

2. Chame o menu suspenso com opções de exportação (Fig. 6.18) de uma das duas maneiras:

   - clique no botão **«Exportar»** no painel de estruturas segmentadas e selecionar o tipo de exportação para DICOM RT no menu suspenso;
   - mover o cursor do rato sobre a estrutura na lista, clicar com o botão direito do rato, selecione o item **«Exportar»** no menu de contexto e selecione o tipo de exportação para DICOM RT no menu pendente.

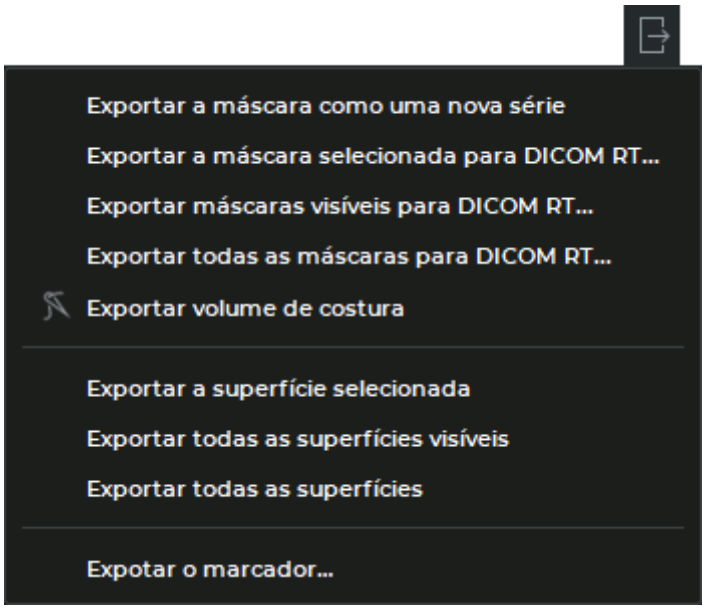


Figure 6.18: Menu Exportar

Estão disponíveis três opções para exportar a estrutura para DICOM RT:

- **«Exportar a máscara selecionada para DICOM RT...»**. Apenas a estrutura atualmente selecionada é exportada;

- **«Exportar máscaras visíveis para DICOM RT...»**. Todas as estruturas visíveis são exportadas, para as quais a visibilidade está ativada no painel de estruturas segmentadas;

- **«Exportar todas as máscaras para DICOM RT...»**. Todas as estruturas do painel de estruturas segmentadas são exportadas.

Na caixa de diálogo **Exportar para DICOM RT** que se abre (Fig. 6.19), adicione uma descrição do RTSTRUCT a ser exportado. A descrição predefinida da série é «Segmentação».

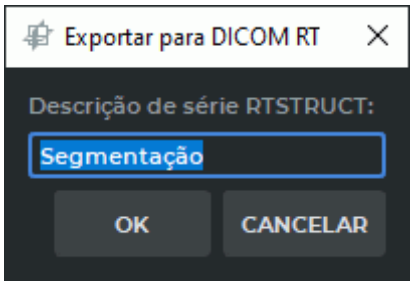


Figure 6.19: Diálogo para exportar estruturas segmentadas para DICOM RT

Clique em**«OK»** para exportar as estruturas ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

A estrutura exportada é salva no armazenamento local como uma nova série com a modalidade «RTSTRUCT». Uma miniatura da nova série é adicionada às atuais no painel de séries.

Se a série for multifásica, a estrutura é exportada apenas para a fase atual. Se nenhuma estrutura foi exportada durante a exportação, por exemplo, nenhum voxel é visível sob a máscara, uma mensagem de erro de exportação é exibida.

6.7.7 Importação de estrutura do DICOM RT

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para importar uma estrutura segmentada, clique no botão **«Importar estruturas segmentadas de DICOM RT...»** no painel Estruturas segmentadas.

A importação de uma estrutura segmentada a partir do DICOM RT pode ser efectuada de duas formas:

- clicar no botão **«Importar máscaras do conjunto de máscaras DICOM RT...»** no painel de estruturas segmentadas;

- colocar o cursor do mousse sobre a estrutura na lista, clicar com o botão direito do mousse, selecione **«Importar»** no menu de contexto e selecione **«Importar máscaras do conjunto de máscaras DICOM RT...»** no menu pendente.

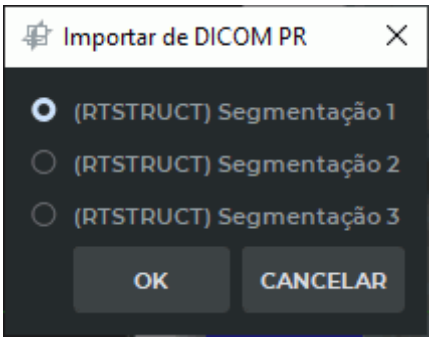


Figure 6.20: Diálogo para importar estruturas segmentadas do DICOM RT

Clique em **«OK»** para importar a estrutura ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

No bloco **«Estruturas para importar»** da caixa de diálogo (Fig. 6.21), defina a opção ao lado da estrutura segmentada que deseja importar. Para importar todas as estruturas da lista, defina a opção na caixa superior. As opções não são definidos por padrão.

Na lista pendente **«Interpolação»** no bloco **«Voxelização»**, selecione uma opção de interpolação para segmentação do contorno. Possíveis opções de interpolação:

- **Linear**;
- **Spline hermitiana** (definido por padrão).

A opção de interpolação selecionada é exibida na próxima vez que você abrir a caixa de diálogo de seleção de estrutura.

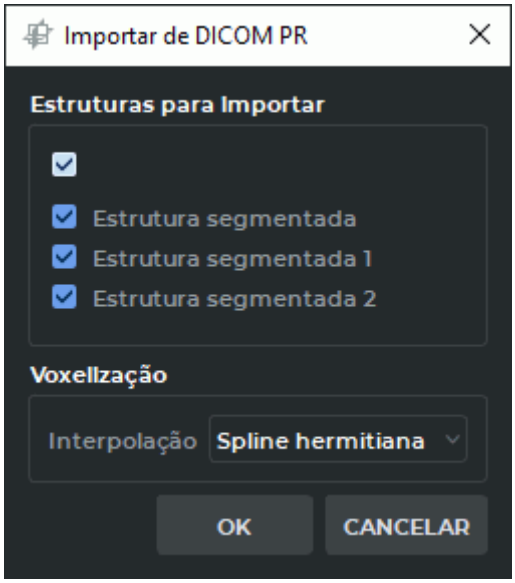


Figure 6.21: Diálogo para selecionar estruturas segmentadas

Clique em **«OK»** para importar estruturas ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

6.7.8 Exportação de marcadores e marcadores de estruturas segmentadas

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O DICOM Viewer permite exportar informações sobre marcadores e marcadores de estruturas segmentadas para arquivos em formatos *.csv* e *.json*.

Detalhes sobre marcadores são fornecidos na Secção 5.12, e sobre marcadores de estruturas segmentadas na Secção 6.8.5.

Para exportar **marcadores**, complete os seguintes passos:

1. Configure os parâmetros de exportação de marcadores na caixa de diálogo **«Parâmetros de exportação/importação...»** (veja Secção 6.7.1).

   Ao exportar marcadores para o formato .json, na caixa de diálogo de configurações de exportação é preciso marcar ou desmarcar a caixa de uso de coordenadas do paciente, determinar unidades de medição de coordenadas e o tipo de marcadores a serem exportados. Ao exportar marcadores em formato .csv, é preciso marcar ou desmarcar a caixa de uso de coordenadas do paciente, determinar unidades de medição de coordenadas, parâmetros (texto, tamanho, cor) e o tipo de marcadores a serem exportados.

   Dependendo do tipo de marcador selecionado, o tamanho nos arquivos de exportação é especificado como o raio do marcador em milímetros ou a espessura da linha em pixels.

2. Clique no botão **«Exportar»** no painel de estruturas segmentadas.

3. No menu pendente, selecione o comando **«Exportar o marcador...»**. O comando não está disponível se não há marcadores do tipo correspondente especificado na caixa de diálogo de configurações de exportação (veja Secção 6.7.1).

4. Na caixa de diálogo que se abre, selecione o diretório onde deseja guardar o arquivo. Edite o nome do arquivo e selecione seu tipo: *.csv* ou *.json*. Clique em **«Salvar»** para salvar ou **«Cancelar»** para cancelar.

Os marcadores exportados do modelo para uma série combinada são exportados para arquivos em formato .csv e .json nas coordenadas da camada base.

Para exportar **marcadores das estruturas segmentadas**, complete os seguintes passos:

1. No painel de estruturas segmentadas clique com o botão direito do rato na estrutura cujos marcadores deseja exportar.

2. No menu contextual selecione o item **«Exportar» -> «Exportar marcador...»**. O item de menu não está disponível se a estrutura selecionada não contém marcadores de estrutura segmentados.

Ao exportar marcadores de estrutura segmentada, na caixa de diálogo de configurações de exportação é preciso marcar ou desmarcar a caixa de uso de coordenadas do paciente e determinar unidades de medição de coordenadas. As coordenadas dos marcadores de estruturas segmentadas são exportadas para arquivos .json ou .csv apenas com as configurações especificadas das coordenadas e unidades.

3. Na caixa de diálogo que se abre, selecione o diretório onde deseja guardar o arquivo. Edite o nome do arquivo e selecione seu tipo: *.csv* ou *.json*. Clique em **«Salvar»** para salvar ou **«Cancelar»** para cancelar.

6.7.9 Importação de marcadores e marcadores de estruturas segmentadas

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O DICOM Viewer permite importar informações sobre marcadores e marcadores de estruturas segmentadas dos arquivos em formatos *.csv* e *.json*.

Para importar **marcadores**, complete os seguintes passos:

1. Configure os parâmetros de importação de marcadores na caixa de diálogo **«Parâmetros de exportação/importação...»** (veja Secção 6.7.3).

Ao importar marcadores de um arquivo em formato .csv, na caixa de diálogo de configurações de importação é preciso marcar ou desmarcar a caixa de uso de coordenadas do paciente, indicar unidades de medição de coordenadas, parâmetros (texto, tamanho, cor) e o tipo de marcadores especificado na exportação. Se no arquivo a ser importado são detectados parâmetros de marcador excessivos ou ausentes, a operação de importação é interrompida. Ao importar marcadores de um arquivo em formato .json é preciso marcar ou desmarcar a caixa de uso de coordenadas do paciente e indicar unidades de medição de coordenadas especificadas na exportação.

2. Clique com o botão direito do rato no volume base ou em seu elemento filho no painel de estruturas segmentadas e no menu contextual selecione o item **«Importar» -> «Importar marcador...»**.

3. Na caixa de diálogo que se abre selecione o arquivo que é preciso importar. Clique em **«Revelar»** para importar ou **«Cancelar»** para desistir.

Os marcadores exportados do modelo para uma série combinada não são importados de volta para as camadas de onde foram exportados. Ao importar de um arquivo em formato .json para a camada selecionada, as coordenadas dos marcadores de outras camadas são transformadas de acordo com a matriz de transformação da camada selecionada. Ao tentar importar marcadores para uma camada para a qual tal matriz se ausenta, aparece uma caixa de diálogo a avisar que a importação é inválida. Ao importar de um arquivo em formato .csv, a transformação de coordenadas não é realizada e os marcadores são importados para a camada selecionada sem transformação.

A importação de marcadores para uma série combinada de um arquivo .csv deve ser feita apenas com a absoluta certeza do usuário de que a camada está selecionada corretamente e os sistemas de coordenadas se correspondem.

Para importar **marcadores das estruturas segmentadas**, complete os seguintes passos:

1. Clique com o botão direito do rato no elemento selecionado da lista de estruturas segmentadas no painel de estruturas segmentadas e selecione no menu contextual **«Importar» -> «Importar marcador...»**.

   Ao importar marcadores das estruturas segmentadas, na caixa de diálogo de configurações de importação é preciso marcar ou desmarcar a caixa de uso de coordenadas do paciente e indicar unidades de medição de coordenadas especificadas na exportação. De arquivos .json ou .csv são importadas apenas as coordenadas de marcadores de estruturas segmentadas.

2. Na caixa de diálogo que se abre selecione o arquivo que deseja importar. Clique em **«Revelar»** para importar ou em **«Cancelar»** para desistir.

6.8 Alterar a máscara de estrutura com ferramentas de segmentação

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Ao trabalhar com estruturas segmentadas, preste atenção em qual estrutura ou volume é selecionado. Todas as ações de edição são executadas com a estrutura ou volume visível selecionado. Se no momento o botão de mudança de visibilidade (indicado por uma seta na Fig. 6.22) a visibilidade de todas as máscara e superfície para esta estrutura está oculta, pelo que não é possível editar pois as ferramentas de corte, **«Segmentação de ponto por máscara»**, **«Crescimento de região»** e **«Segmentação de árvore de vasos»**.

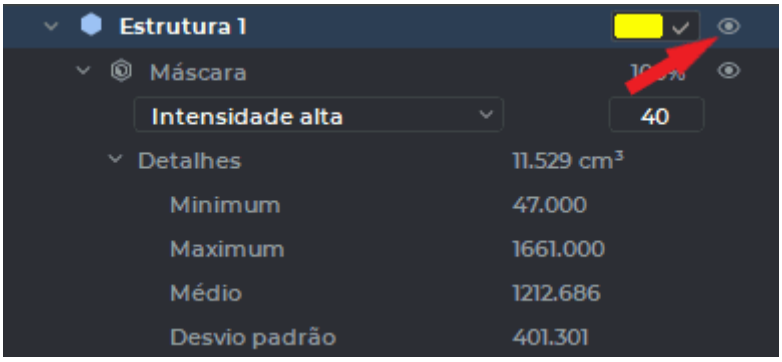


Figure 6.22: Botão para alterar a visibilidade de todas as máscaras e superfícies de estrutura

É possível editar estruturas invisíveis apenas as ferramentas de edição de volume inteligente **«Crescer (dilatação)»**, **«Reduzir (erosão)»**, **«Remover ruído (abertura)»**, **«Remover furos (fechamento)»** (para detalhes, consulte a Seção 3.8.7) e as ferramentas **«Unir»**, **«Subtrair»**, **«Subtrair dilatado»**, **«Intersetar»** (para detalhes, consulte a Seção 6.9). Nesse caso, se abre a caixa de diálogo **«A estrutura de destino está oculta. Tem certeza que deseja executar a operação sobre ela?»**. Para realizar a operação, clique em **«SIM»**, para recusar a realização da operação, **«NÃO»**. Se um modelo 3D estiver aberto na janela **«Reconstrução MPR»** (consulte a Seção 5.21), então as mudanças na estrutura são exibidas simultaneamente no modelo. Isso causa carga adicional no processador. Se precisar reduzir a carga, clique na seta no botão **«Crescimento de região»** e desmarque a opção **«Atualização interativa 3D»**. Depois disso, a estrutura no modelo 3D será atualizada após a conclusão da próxima etapa da construção.

Se o volume principal ou uma estrutura segmentada for editado, as grades dessas estruturas são reconstruídas automaticamente.

Para editar a estrutura, são utilizadas ferramentas especializadas (descritas abaixo) e ferramentas de edição de volume:

- **«Corte polígono»** (descrito na Seção 3.8.1);
- **«Corte polígono invertido»** (descrito na Seção 3.8.2);
- **«Cortar objeto»** (descrito na Seção 3.8.3);
- **«Cortar tudo exceto objeto»** (descrito na Seção 3.8.4);
- **«Cortar»** (descrito na Seção 3.8.6);
- **«Restaurar»** (descrito na Seção 3.8.6). O uso da ferramenta só é possível se parte da estrutura já estiver construída;
- **«Segmentação por contornos»** (descrito na Seção 6.10);
- **«Crescer (dilatação)»** (descrito na Seção 3.8.7);
- **«Reduzir (erosão)»** (descrito na Seção 3.8.7);
- **«Remover ruído (abertura)»** (descrito na Seção 3.8.7);
- **«Remover furos (fechamento)»** (descrito na Seção 3.8.7);
- **«Crescimento de múltiplos segmentos»** (descrito na Seção 3.8.7);
- **«Preencher»** (descrito na Seção 3.8.7).
- **«Cortar volume invisível»** (descrito na Seção 3.8.7).
- **«Segmentação de árvore de vasos»** (descrito na Seção 6.8.4).
- **«Crescimento das regiões das estruturas segmentadas»** (descrito na Seção 6.8.7).
- **«Unir»** (descrito na Seção 6.9);
- **«Subtrair»** (descrito na Seção 6.9);

- **«Subtrair dilatado»** (descrito na Seção 6.9);
- **«Intersetar»** (descrito na Seção 6.9).

6.8.1 Ferramentas para preenchimento automático da máscara de estrutura segmentada

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A ferramenta **«Segmentação de ponto por máscara»** permite construir estruturas para áreas conectadas, ou seja, seções de tecido que não estão conectadas a outros tecidos. Para construir uma estrutura para uma área vinculada, faça o seguinte:

1. Ative a ferramenta **«Segmentação de ponto por máscara»** com o botão esquerdo, direito ou do meio do meio do mouse. Para continuar trabalhando com a ferramenta, use o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Saiba mais sobre ferramentas ver Seção 1.14.
2. Clique na área vinculada. Uma estrutura será construída na região.
3. Se a estrutura foi construída para uma área maior que a necessária, cancele a ação clicando no botão **«Desfazer»** , edite a máscara e repita a construção.

Se não for possível obter uma área conectada completamente separada de outros tecidos, ocorrerão vazamentos (segmentação fora da área necessária) ao usar a ferramenta **«Segmentação de ponto por máscara»**. Para segmentar essa área rapidamente e com vazamento mínimo, use a ferramenta **«Crescimento de região»** :

1. Ative a ferramenta **«Crescimento de região»** o com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para continuar trabalhando com a ferramenta, use o botão que foi usado para ativar a ferramenta. Consulte a Seção 1.14. Os modos de operação da ferramenta são descritos na Seção 6.8.3.
2. Selecione um ponto na máscara aproximadamente no centro da área que deseja segmentar.
3. Enquanto mantém pressionado o botão do mouse, mova o cursor em qualquer direção. A estrutura segmentada aumentará. O Aumento é mais rápido nas direções em que a curvatura da superfície é menor (o Aumento é mais lento em áreas finas para evitar vazamentos). A direção do cursor não importa, o que importa é a distância do ponto inicial do movimento. Ao mover o cursor na direção oposta, a estrutura construída não diminui.
4. Se a estrutura estiver totalmente construída ou o Aumento posterior causar vazamentos, pare a construção soltando o botão esquerdo do mouse.
5. Se necessário, repita a construção para uma área ainda não segmentada.

6. Para desfazer uma ação, clique no botão **«Desfazer»** . Para repetir a ação desfeita, no botão **«Refazer»** . A ferramenta dispara em determinados intervalos, portanto, com um clique no botão **«Desfazer»** você pode excluir apenas a parte da estrutura que foi construída durante a próxima operação, e não todo o caminho do cursor.

6.8.2 A ferramenta «Restaurar»

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para preencher a estrutura na janela de reconstrução multiplanar usando a **«Restaurar»**, faça o seguinte:

1. Ative a ferramenta **«Restaurar»** com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para trabalhar mais com a ferramenta, use o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Consulte a Seção 1.14.
2. Marque o diâmetro da ferramenta necessária. Para fazer isso, mova o cursor do mouse para cima e para baixo enquanto mantém pressionada a tecla **Alt** (ou a tecla **Option** para o macOS) no teclado.
3. Mova o cursor do mouse para a área para a qual você deseja criar uma estrutura.
4. Clique no botão do mouse e solte-o. Os tecidos sob a máscara que estão dentro da esfera serão adicionados à estrutura. A cor dos tecidos mudará para a definida para a estrutura.
5. Para desfazer uma ação, clique no botão **«Desfazer»** . Para refazer, no botão **«Refazer»** .
6. Para selecionar uma grande área de tecido de uma só vez, mova a ferramenta **«Restaurar»** com o botão do mouse pressionado. No entanto, lembre-se de que a ferramenta disparará em determinados intervalos, portanto, com um clique no botão **«Desfazer»**, você poderá remover apenas a parte da estrutura que foi adicionada na próxima operação, e não todo o caminho do esfera.
7. Para remover alguns dos tecidos adicionados, clique na seta do lado direito do botão e selecione a ferramenta **«Cortar»** . A ferramenta funciona de forma semelhante à ferramenta **«Restaurar»**, mas remove o tecido selecionado de um segmento.
8. Para desativar ou ativar a máscara, clique no botão **«Edição de estrutura segmentada»** .

Na janela de reconstrução volumétrica, a ferramenta é utilizada para construir a estrutura sem levar em conta a máscara. Para aumentar por máscara, use a ferramenta **«Restaurar por**

máscara». Observe que, para preencher a estrutura, é necessário que algum volume (principal ou estrutura) esteja visível. O botão de visibilidade (indicado por uma seta na Fig. 6.23) permitir a visibilidade de todas as máscaras e superfícies para esta estrutura, caso contrário não será possível construir outra estrutura.

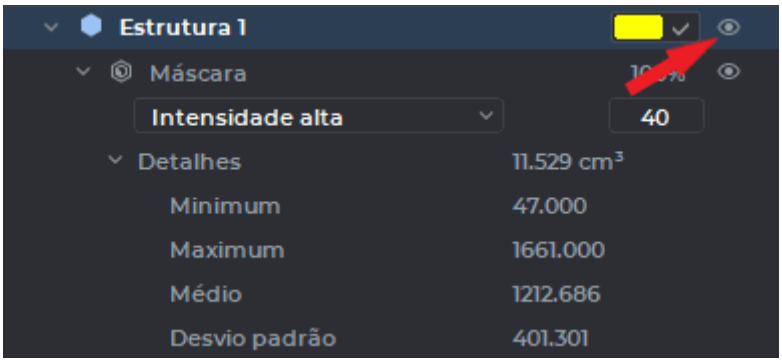


Figure 6.23: Botão para alterar a visibilidade de todas as máscaras e superfícies de estrutura

6.8.3 Ferramenta «Crescimento de região»

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Vazamentos (segmentação fora da área necessária) podem ocorrer ao construir da máscara de estruturas usando a ferramenta **«Restaurar»**, por exemplo, se dois órgãos estiverem conectados por pontes finas **«Crescimento de região»** leva em consideração a forma e a densidade das regiões segmentadas e minimiza o vazamento. A ferramenta possui dois modos de operação: **«Método EDT»** e **«Método de configuração de nível»**. Para alternar o modo, clique na seta do lado direito do botão e selecione o modo que deseja. O modo atual é marcado com uma bandeira.

No modo **«Método EDT»**, a ferramenta constrói uma estrutura preenchendo o espaço limitado pela máscara. Para construir uma estrutura na janela de reconstrução multiplanar usando o método EDT, faça o seguinte

1. Ative a ferramenta **«Crescimento de região»** no modo **«Método EDT»** com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para continuar trabalhando com a ferramenta, use o botão que foi usado para ativar a ferramenta. Para obter mais informações sobre gerenciamento de ferramentas, consulte 1.14.

2. Posicione o cursor aproximadamente no centro da área a ser segmentada.

3. Enquanto mantém pressionado o botão do mouse, mova o cursor em qualquer direção. A estrutura segmentada aumentará. O Aumento é mais rápido nas direções em que a curvatura da superfície é menor (o Aumento é mais lento em áreas finas para evitar vazamentos). A direção do cursor não importa, o que importa é a distância do ponto

inicial do movimento. Ao mover o cursor na direção oposta, a estrutura construída não diminui.

4. Se a estrutura estiver totalmente construída ou o aumento posterior causar vazamentos, pare a construção soltando o botão esquerdo do mouse.

5. Se necessário, repita a construção para uma área ainda não segmentada.

6. Para desfazer uma ação, clique no botão **«Desfazer»** , para repetir a ação desfeita, no botão **«Refazer»** . A ferramenta dispara em determinados intervalos, portanto, com um clique no botão **«Desfazer»**, você pode excluir apenas a parte da estrutura que foi construída durante a próxima operação, e não todo o caminho do cursor.

No modo **«Método de configuração de nível»**, a ferramenta usa sua própria máscara, construída de acordo com um algoritmo especial, para que a estrutura construída ultrapasse os limites da máscara usual e fique visível quando seus limites mudarem. Para construir uma estrutura na janela de reconstrução multiplanar usando o método de superfície nivelada, faça o seguinte:

1. Ative a ferramenta **«Crescimento de região»** no modo **«Método de configuração de nível»** com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para continuar trabalhando com a ferramenta, use o botão que foi usado para ativar a ferramenta. Para obter mais informações sobre gerenciamento de ferramentas, consulte 1.14.

2. Posicione o cursor aproximadamente no centro da área a ser segmentada.

3. Clique e segure o botão do mouse. A janela de desenho exibirá sua própria máscara de ferramenta azul. Se for difícil ver a máscara contra o fundo da máscara principal, reduza a transparência da máscara de edição. Para fazer isso, reduza o valor da opacidade no painel **Editing Mask** de edição (consulte a Seção 6.2.2).

4. Avalie os tecidos com a máscara azul. A densidade dos tecidos sob a máscara azul depende da densidade sob o cursor. Se a máscara estiver construída incorretamente, solte o botão esquerdo, cancele a construção clicando no botão **«Desfazer»** ou apagando a estrutura construída, mova o cursor para a área do tecido com a densidade desejada e repita esta etapa.

5. O círculo vermelho ao redor do cursor mostra a quantidade de curvatura das áreas a serem segmentadas (quanto menor o diâmetro do círculo, mais curvatura é permitida, ou seja, estruturas mais finas são segmentadas). Para alterar o diâmetro de um círculo, mova o mouse para cima ou para baixo enquanto mantém pressionada a tecla **Alt** (ou a tecla **Option** para o macOS) no teclado.

6. Para construir uma estrutura, mova o cursor em qualquer direção enquanto mantém pressionado o botão do mouse. A estrutura segmentada crescerá dentro da máscara azul. Se a máscara azul for maior que a usual, a construção ocorre fora da usual, mas o resultado é visível apenas dentro dela.

7. Se a estrutura estiver completamente construída, ou o aumento posterior causar vazamentos, pare a construção soltando o botão do mouse.

8. Se necessário, repita a construção para uma área ainda não segmentada.

9. Para desfazer uma ação, clique no botão **«Desfazer»** , para repetir a ação desfeita, no botão **«Refazer»** . A ferramenta dispara em determinados intervalos, portanto, com um clique no botão **«Desfazer»**, você pode excluir apenas a parte da estrutura que foi construída durante a próxima operação, e não todo o caminho do cursor.

Na janela de reconstrução volumétrica, a ferramenta funciona de forma semelhante. Observe que, para preencher a estrutura, algum volume (principal ou estrutura) deve estar visível. O botão de visibilidade permitir a visibilidade de todas da máscara de estrutura, será impossível aumentar outra estrutura. A visibilidade da superfície não afecta a capacidade de editar a máscara de estrutura. As ferramentas de segmentação funcionam se a visibilidade da estrutura e/ou da máscara de superfície estiver activada.

6.8.4 Ferramenta «Segmentação de árvore de vasos»

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A ferramenta destina-se à segmentação de vasos sanguíneos.

A segmentação é realizada apenas para a parte visível da estrutura (volume principal). Antes de usar a ferramenta, remova as partes em excesso do volume para acelerar a ferramenta usando as ferramentas de corte. Paro vasos pulmonares, use o comando Extrair Área dos Vasos Pulmonares. Para fazer isso, clique na seta do lado direito do botão **«Segmentação de árvore de vasos»** com o botão esquerdo do mouse e selecione o comando **«Extração de área dos vasos pulmonares»**. O processo pode demorar algum tempo. Depois de extrair a área dos vasos pulmonares, a tabela de cores **«[WL]Intensidade alta»** é definida para o volume (mais sobre as tabelas de cores na Seção 2.23).

A ferramenta «Extração de área dos vasos pulmonares» funciona corretamente apenas em exames com contraste.

Para segmentar vasos, faça o seguinte:

1. Selecione a estrutura desejada (volume principal). O botão de visibilidade permitir a visibilidade da máscara de estrutura.

2. Clique no botão **«Segmentação de árvore de vasos»** botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para trabalhar mais com a ferramenta, use o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Consulte a Seção 1.14 para obter mais informações sobre gerenciamento de ferramentas.

3. Na caixa de diálogo que se abre, especifique as seguintes opções:

   - **Diâmetro máximo de vaso(cm)**. Quanto maior este parâmetro, mais espessamente os vasos são detectados, porém, aumenta a probabilidade de falso reconhecimento de outros tecidos ou de um grupo de vasos como um vaso. Diminuir o parâmetro leva a dividir a árvore em várias, pois os grandes vasos que unem as árvores são excluídos.

- **Número de estruturas de árvores de vasos**. O parâmetro limita o número máximo de estruturas de árvore de vasos criadas. As estruturas são criadas para as árvores maiores.

Após a segmentação, a ferramenta permanece ativa para trabalhar com as árvores construídas. O painel de segmentação exibe as estruturas criadas. Para selecionar um vaso, mova o cursor do mouse sobre ele. Para selecionar um vaso e suas sub-árvores, mova o cursor sobre ela enquanto mantém pressionada a tecla **Shift** em seu teclado. Na Fig. 6.24 mostra um vaso selecionado.

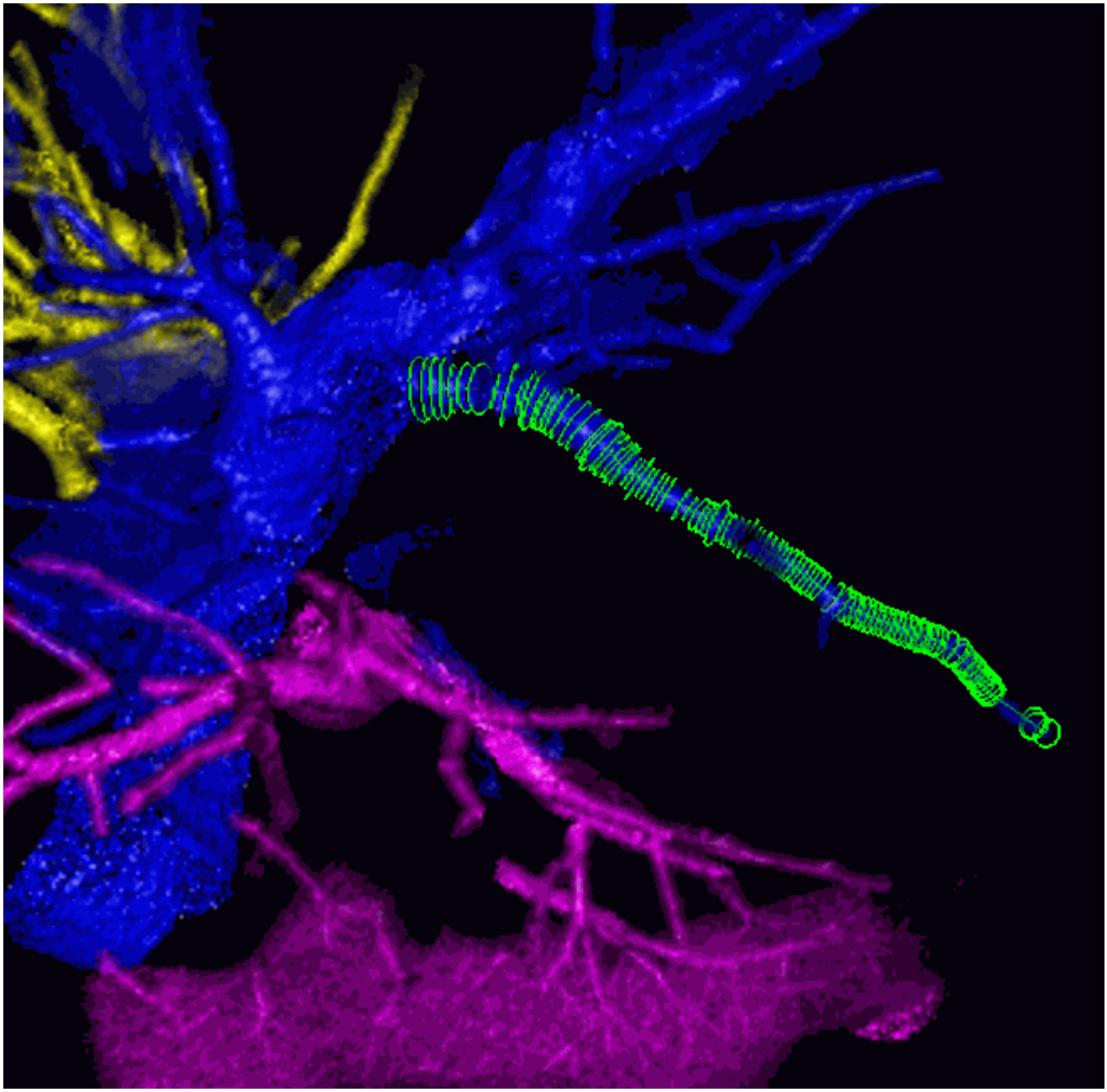


Figure 6.24: Vaso Dedicado

Os vasos que não pertencem a nenhuma árvore são considerados inválidos. Para de-

sprender um vaso de uma árvore sem prendê-lo a outras árvores, basta marcá-lo como inválido. Para fazer isso, mova o cursor sobre o vaso e clique duas vezes no botão do mouse ou clique no botão uma vez enquanto mantém pressionada a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) no teclado. Use o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Tal vaso pode ser selecionado no volume principal segurando a tecla **Alt** (ou a tecla **Option** para o macOS) no teclado e anexado a qualquer estrutura.

Anexar um vaso a outra árvore é feito de várias maneiras:

1. Selecione a estrutura correspondente a esta árvore no painel de segmentação, mova o cursor sobre o vaso para que fique destacado e clique uma vez com o botão do mouse. Use o botão que foi usado para ativar a ferramenta. A cor do vaso muda para a cor da estrutura selecionada.

2. Mova o cursor sobre o vaso e clique no botão do mouse. Uma mira verde aparece sob o cursor. Para selecionar uma árvore à qual deseja anexar um vaso, mova o cursor do mouse sobre ela. Use o botão que foi usado para ativar a ferramenta. O vaso é conectado à árvore por uma linha verde. Solte o botão do rato. O vaso está acoplado. Se o cursor não estiver sobre nenhuma árvore, o vaso está desconectado. Nesse caso, o vaso é indicado por uma cruz vermelha.

Uma vez desativada a ferramenta, não é possível selecionar, anexar e sinalizar um vaso incorreto. Para continuar trabalhando com as árvores já construídas, clique no botão **«Segmentação de árvore de vasos»** . Uma caixa de diálogo aparece com o aviso **«Os vasos já estão calculados para este volume. Deseja recalculá-los usando máscara de estrutura atual?»**. Clique em **«NÃO»** na caixa de diálogo.

Para realizar uma nova segmentação de vasos sem excluir os resultados da antiga, selecione a estrutura (volume básico) para a qual deseja realizar a ação, clique no botão **«Segmentação de árvore de vasos»** , e na caixa de diálogo que aparece, clique em **«SIM»**. Em seguida, são destacados os vasos criados desde o último uso da ferramenta.

6.8.5 Ferramenta «Segmentação por método de divisor de águas»

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A ferramenta é usada para segmentação de volume usando o método de hidrodivisão e permite dividir o volume em várias partes não sobrepostas.

A ferramenta possui dois modos (direções de preenchimento das áreas):

1. **intensidade baixa** para separar tecidos moles rodeados por outros mais densos: órgãos contendo ar, cérebro. Nesse caso, as áreas são preenchidas de uma densidade de tecido menor para uma maior. Nesse caso, a densidade mínima do tecido é o ponto a partir do qual se inicia o preenchimento das áreas, e o parâmetro **«Limite máximo»** limita a densidade dos tecidos a serem segmentados por cima.

2. **intensidade alta** para separar tecidos densos rodeados por outros menos densos: ossos, órgãos contrastados. Neste caso, o preenchimento dos áreas parte da densidade máxima e prossegue no sentido da sua diminuição, sendo que a densidade mínima dos tecidos a segmentar é limitada a partir de baixo pelo parâmetro **«Limite mínimo»**.

Para acelerar o processo de segmentação e evitar a criação de segmentos desnecessários, exclua tecidos desnecessários do volume segmentado usando as ferramentas de corte.

Para segmentar tecidos usando o método hidrodivisão, siga estas etapas:

1. Selecione o volume que deseja segmentar.
2. Se necessário, corte o tecido que não precisa ser segmentado.
3. Ative a ferramenta **«Segmentação por método de divisor de águas»** o pressionando o botão na barra de ferramentas de edição de volume.
4. Na caixa de diálogo que se abre, marque as seguintes opções:
   - **«Limite mínimo»**;
   - **«Limite máximo»**;
   - **«Profundidade mínimo»**: profundidade mínima das piscinas a combinar;
   - **«Número máximo de bacias»**: o número máximo de estruturas criadas (máximo 31);
   - Selecione a direção (**«intensidade baixa»**, **«intensidade alta»**);
   - Selecione a estrutura com base na qual deseja realizar a segmentação na lista suspensa **«Fonte»**.
   - Para lembrar essa estrutura como a fonte padrão, marque a opção **«Lembrar estrutura selecionada»**.
   - Para desativar a visibilidade da estrutura de origem, marque a opção **«Ocultar estrutura de origem»**.
   - Para desativar a visibilidade de estruturas que não foram alteradas após a segmentação , marque a opção **«Ocultar outras estruturas»**.
5. Clique em **«OK»** para segmentar ou em **«CANCELAR»** para cancelar a ação. O processo leva algum tempo.

Uma vez que a segmentação é feita, você pode distribuir manualmente os tecidos em áreas usando os marcadores de estrutura segmentada. Se os tecidos desejados não caírem na estrutura, é necessário colocar neles marcadores que correspondam à estrutura.

Atenção! Alterações de estrutura feitas usando marcadores não podem ser desfeitas!

Para segmentar o tecido usando o método hidrodivisão usando marcadores, faça o seguinte:

1. Destaque a estrutura na lista.
2. Ative a ferramenta **«Marcador das estruturas segmentadas»** pressionando o botão no painel de edição de volume com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para continuar trabalhando com a ferramenta, use o botão que foi usado para ativar a ferramenta. Consulte a Seção 1.14 para obter mais informações sobre gerenciamento de ferramentas.
3. Marque um ou mais marcadores nos lugares certos com um clique do mouse.

4. Siga estas etapas com outras estruturas, conforme necessário.
5. Clique no botão **«Segmentação por método de divisor de águas»** .
6. Certifique-se de que a caixa **«Usar marcadores da estrutura»**.
7. Selecione a estrutura com base na qual deseja realizar a segmentação na lista pendente **«Fonte»**.
8. Para lembrar essa estrutura como a fonte padrão, marque a opção **«Lembrar estrutura selecionada»**.
9. Para desativar a visibilidade da estrutura de origem, marque a opção **«Ocultar estrutura de origem»**.
10. Para desativar a visibilidade de estruturas que não foram alteradas após a segmentação, marque a opção **«Ocultar outras estruturas»**.
11. Clique em **«OK»** para segmentar ou em **«CANCELAR»** para cancelar a ação. O processo leva algum tempo.

Se marcadores de estruturas diferentes forem colocados na mesma área, a segmentação falhará.

A estrutura original não é modificada. As estruturas que não possuem marcadores não são modificadas.

Para ocultar/mostrar os marcadores da estrutura selecionada, clique na seta no botão **«Marcador das estruturas segmentadas»** e no menu do botão (Fig. 6.25) desmarque/marque a opção **«Mostrar marcadores da estrutura atual»**. O comando selecionado é marcado com um sinalizador.

Para mostrar/ocultar números de marcadores para a estrutura selecionada, marque a opção **«Mostrar números de marcadores da estrutura atual»**. Por padrão, a opção está desativada. O comando selecionado é marcado com um sinalizador. A ativação desta opção facilita o trabalho com um grande número de marcadores na estrutura. Por exemplo, se ocorrer um erro ao tentar segmentar por hidrodivisão, ele permite entender qual marcador com qual número o causou.

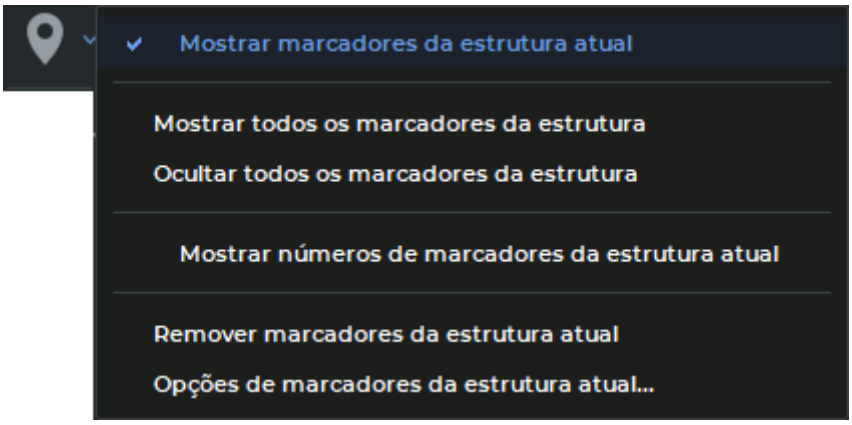


Figure 6.25: Menu do botão «Marcador das estruturas segmentadas»

Para mostrar/ocultar marcadores de todas as estruturas segmentadas, clique na seta no botão **«Marcador das estruturas segmentadas»** e no menu do botão (Fig. 6.25) selecione o comando **«Mostrar todos os marcadores da estrutura»** ou **«Ocultar todos os marcadores da estrutura»**, respectivamente.

Para remover marcadores da estrutura segmentada atual, selecione o comando **«Remover marcadores da estrutura atual»**.

Para alterar os parâmetros dos marcadores da estrutura selecionada, selecione o comando **«Opções de marcadores da estrutura atual...»**.

O restante do trabalho com marcadores é semelhante ao descrito na Seção 5.12.

Se a segmentação for realizada em uma série mesclada, apenas os marcadores da camada selecionada serão exibidos. Os marcadores são editáveis independentemente da estrutura selecionada.

As informações sobre exportação e importação de marcadores de estruturas segmentadas estão descritas nas seções 6.7.8 e 6.7.9.

6.8.6 Ferramenta «Crescimento de múltiplos segmentos»

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Esta ferramenta é utilizada quando é necessário aumentar várias estruturas segmentadas para que não se cruzem. É semelhante ao **«Crescer (dilatação)»** (descrito na Seção 3.8.7), no entanto, pode ser aplicado simultaneamente a um número arbitrário de estruturas, bem como ao volume principal. Para usar a ferramenta, faça o seguinte:

1. Construa o número necessário de estruturas segmentadas que você deseja aumentar sem cruzar.

2. Ative a ferramenta **«Crescimento de múltiplos segmentos»** (mais detalhes na Seção 3.8.7). Abrir-se-á caixa de diálogo mostrada na Fig. 6.26.

3. Na caixa de diálogo, a estrutura atualmente selecionada (volume principal) é marcada com um sinalizador. Verifique os sinalizadores para todas as estruturas (volume principal) que precisam ser aumentadas ao mesmo tempo. Se apenas uma estrutura (volume) estiver marcada, a ferramenta funciona de forma semelhante à ferramenta **«Crescer (dilatação)»**.

4. Marque a quantidade máxima de aumento em milímetros no campo **«Raio de crescimento (mm)»**.

5. Clique em **«OK»** para concluir a compilação ou **«CANCELAR»** para cancelar a ação. O processo leva algum tempo. Se a extensão não estiver completa, repita as etapas 2-4.

6. Para desfazer uma ação, clique no botão**«Desfazer»** . Para repetir a ação desfeita, no botão **«Refazer»** para cada estrutura (volume) para a qual a extensão foi realizada.

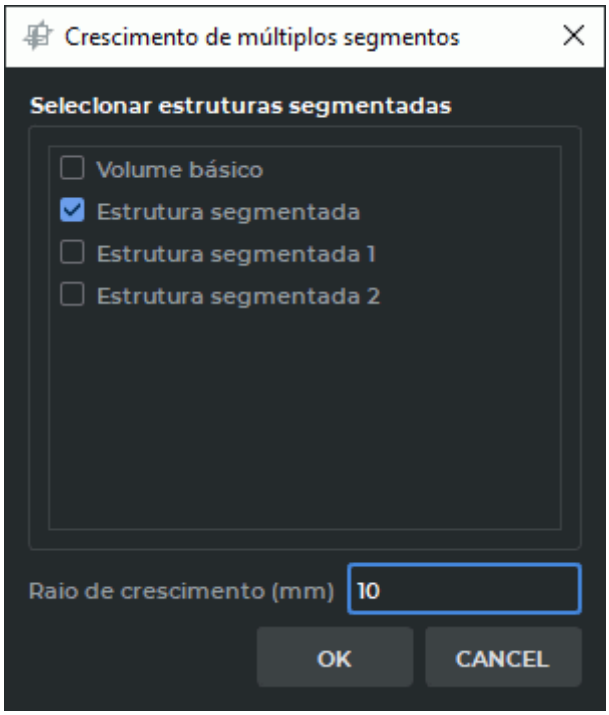


Figure 6.26: Diálogo de configuração de aumento multisegmentado

6.8.7 Ferramenta «Crescimento das regiões das estruturas segmentadas»

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Esta ferramenta é usada quando é necessário aumentar várias estruturas segmentadas em uma iteração (inclusive dentro da máscara) para que não se cruzem. Pelo menos uma estrutura não vazia é necessária para usar a ferramenta.

Para usar a ferramenta, siga estas etapas:

1. Clique no botão **«Crescimento das regiões das estruturas segmentadas»** . Aparecerá a caixa de diálogo mostrada na Fig. 6.27.

2. Na caixa de diálogo, selecione as estruturas que precisam ser construídas.

3. Se necessário, selecione a estrutura ou volume principal como máscara. É impossível escolher uma estrutura tanto para extensão quanto para máscara.

4. Clique em **«OK»**, para concluir a compilação ou **«CANCELAR»** para cancelar a ação. O processo leva algum tempo.

Para desfazer uma ação, clique no botão **«Desfazer»** . Para refazer a ação desfeita, no botão **«Refazer»** .

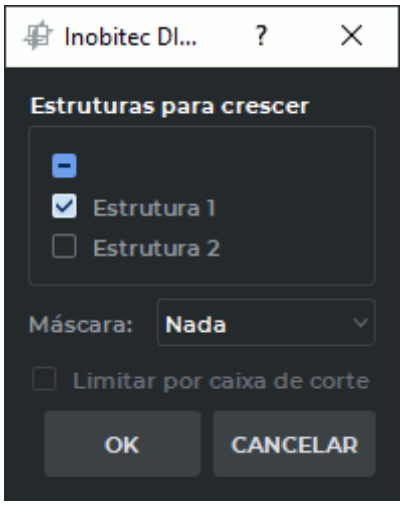


Figure 6.27: Diálogo para definir o aumento de regiões de estruturas segmentadas

Na aba de visualização de reconstrução volumétrica, o aumento da estrutura é realizado dentro da tabela de cores definida para esta estrutura, na janela de visualização de reconstrução multiplanar, dentro da máscara verde.

A taxa de aumento é exponencialmente dependente da distância até os limites da máscara, dentro dos quais ocorre o aumento. Isso possibilita a separação efetiva de áreas conectadas por pontes finas.

6.9 Combinação, subtração e intersecção de estruturas

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Esta ferramenta permite construir uniões, interseções e subtrair estruturas. A funcionalidade também está disponível para superfícies e estruturas construídas para diferentes camadas da série combinada. A combinação de séries é descrita no Capítulo 4. Dependendo de qual ferramenta foi usada pela última vez, o botão parece diferente:

	«Unir» (selecionado por padrão)
	«Subtrair»
	«Subtrair dilatado»
	«Intersetar»

Para utilizar uma ferramenta já selecionada, basta clicar no lado esquerdo do botão de seleção de ferramenta. Para selecionar outra ferramenta, clique na seta no botão de seleção de ferramentas e selecione o item apropriado na lista.

6.9.1 Combinação

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Combinar estruturas é a adição de uma estrutura a outra. Neste caso, a estrutura adicionada permanece inalterada. Para mesclar estruturas, faça o seguinte:

1. Selecione a estrutura original (por exemplo, o pulmão esquerdo) no painel de estruturas.
2. Clique no botão **«Unir»** . Abre-se caixa de diálogo mostrada na Fig. 6.28.
3. Selecione a estrutura da lista com a qual você deseja mesclar a estrutura atual. Por exemplo, o pulmão direito. Se após a fusão for necessário tornar o pulmão direito invisível, marque a opção **«Ocultar estrutura selecionada»**. Para exibir uma estrutura oculta, ative sua visibilidade com o botão alterar visibilidade da estrutura no painel de estrutura segmentada.

   Se você precisar ocultar o volume principal, marque a opção **«Ocultar volume básico de camada selecionada»**. Para exibir o volume principal, ative sua visibilidade com o botão alterar visibilidade da estrutura no painel de estrutura segmentada.

4. Se a opção **«Colocar o resultado numa estrutura nova»** estiver definido, então uma nova estrutura segmentada é criada, na qual o resultado da operação é colocado. A estrutura atual não é alterada.

5. Para combinar as estruturas, clique em **«OK»**. Para cancelar a ação, clique em **«CANCELAR»**.

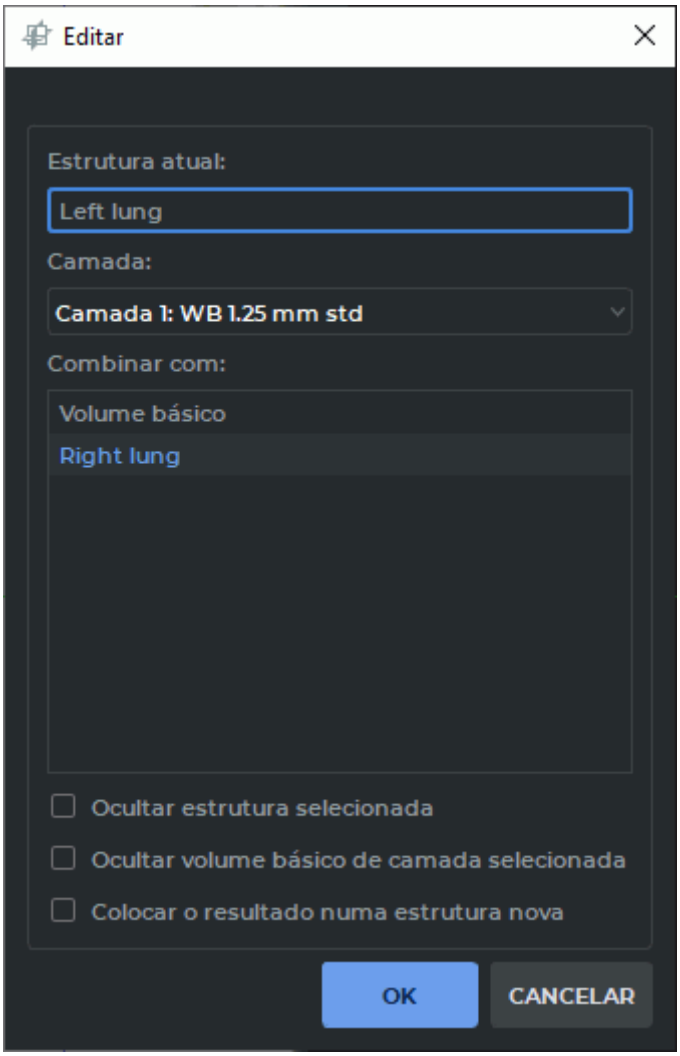


Figure 6.28: Combinando Estruturas

Uma vez combinadas, a estrutura original consistirá nos tecidos contidos em ambas as estruturas.

6.9.2 Subtração

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A subtração da estrutura é a remoção da estrutura original de tecidos presentes em outra estrutura. Para subtrair estruturas, faça o seguinte:

1. Selecione a estrutura original (por exemplo, pulmões) no painel de estruturas.

2. Pressione o botão **«Subtrair»** . Abre-se uma caixa de diálogo semelhante à mostrada na Fig. 6.28.

3. Selecione na lista a estrutura a ser subtraída da atual. Por exemplo, o pulmão direito. Se após a subtração for necessário tornar o pulmão direito invisível, marque a opção**«Ocultar estrutura selecionada»**. Para exibir uma estrutura oculta, ative sua visibilidade com o botão alterar visibilidade da estrutura no painel de estrutura segmentada.

   Se você precisar ocultar o volume principal, marque a opção **«Ocultar volume básico de camada selecionada»**. Para exibir o volume principal, ative sua visibilidade com o botão alterar visibilidade da estrutura no painel de estrutura segmentada.

4. Se a opção **«Colocar o resultado numa estrutura nova»** estiver marcada, então uma nova estrutura segmentada é criada, na qual o resultado da operação é colocado. A estrutura atual não é alterada.

5. Para subtrair estruturas, clique em **«OK»**. Para cancelar a ação, clique em **«CANCELAR»**.

Após a subtração, os tecidos do pulmão direito serão removidos da estrutura original do pulmão.

6.9.3 Interseção

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A interseção de estruturas é a remoção de uma estrutura de todos os tecidos, exceto aqueles presentes em ambas as estruturas. Para construir uma interseção de estruturas, faça o seguinte:

1. Selecione a estrutura original no painel de estruturas.

2. Clique no **«Intersetar»** . Abre-se uma caixa de diálogo semelhante à mostrada na. 6.28.

3. Selecione a estrutura da lista que você deseja cruzar com a atual. Se após a interseção for necessário tornar a segunda estrutura invisível, marque a opção**«Ocultar estrutura selecionada»**. Para exibir uma estrutura oculta, ative sua visibilidade com o botão alterar visibilidade da estrutura no painel de estrutura segmentada.

   Se você precisar ocultar o volume principal, marque a opção **«Ocultar volume básico de camada selecionada»**. Para exibir o volume principal, ative sua visibilidade com o botão alterar visibilidade da estrutura no painel de estrutura segmentada.

4. Se a opção **«Colocar o resultado numa estrutura nova»** estiver definida, então uma nova estrutura segmentada é criada, na qual o resultado da operação é colocado. A estrutura atual não é alterada.

5. Para cruzar as estruturas clique em **«OK»**. Para cancelar a ação, clique em **«CANCELAR»**.

Após o cruzamento, a estrutura original consistirá nos tecidos contidos em ambas as estruturas.

6.9.4 Ferramenta «Subtrair dilatado»

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A ferramenta **«Subtrair dilatado»** executa uma operação de abertura com o raio especificado após a operação de subtração. A abertura é realizada para voxels que correspondem aos voxels obtidos pelo aumento da estrutura com o mesmo raio. O raio de operação é definido pelo usuário. O raio de operação pode ser especificado em milímetros ou voxels.

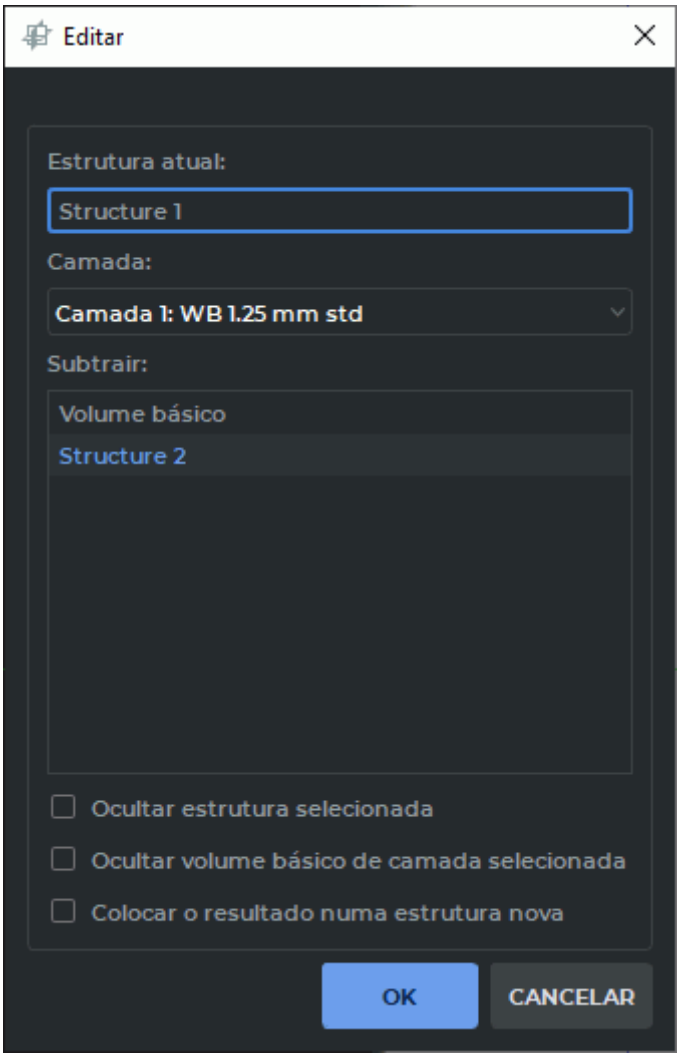


Figure 6.29: Diálogo para edição de estruturas

Para subtrair estruturas, faça o seguinte:

1. Selecione a estrutura original no painel de estruturas (por exemplo *«Structure 1)»*).
2. Clique no botão **«Subtrair dilatado»** . A caixa de diálogo para edição de estruturas será aberta (Fig. 6.29).
3. Selecione na lista a estrutura a ser subtraída da atual. Por exemplo, *«Structure 2»*. Se após a subtração for necessário tornar a Structure 2 invisível, marque a opção **«Ocultar estrutura selecionada»**. Para exibir uma estrutura oculta, ative sua visibilidade com o botão alterar visibilidade da estrutura no painel de estrutura segmentada.

   Se você precisar ocultar o volume principal, marque a opção **«Ocultar volume básico de camada selecionada»**. Para exibir o volume principal, ative sua visibilidade com o botão alterar visibilidade da estrutura no painel de estrutura segmentada.
4. Se a opção **«Colocar o resultado numa estrutura nova»** estiver definido, então uma nova estrutura segmentada é criada, na qual o resultado da operação é colocado. A estrutura atual não é alterada.

5. Clique em **«OK»** para aplicar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

6. Na caixa de diálogo da Fig. 6.30 marque o raio de operação em milímetros ou voxels.

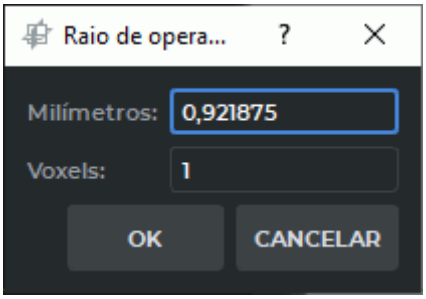


Figure 6.30: Diálogo «Raio de operação»

7. Para subtrair estruturas, clique em **«OK»**. Para cancelar a ação, clique em **«CANCELAR»**.

6.10 Criando estruturas segmentadas usando caminhos

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

6.10.1 Informações gerais

Com a ajuda de contornos, é realizada a segmentação de órgãos cuja densidade é comparável à densidade dos tecidos circundantes, por exemplo, coração, fígado, articulações. Os limites da região de interesse nesses tecidos são pouco visíveis, o que impossibilita o uso da segmentação automática.

Os contornos são construídos em seções na aba de reconstrução multiplanar. Se a janela **«Visualização 3D»** estiver aberta na aba **«Reconstrução MPR»**, a estrutura segmentada em construção é exibida simultaneamente no modelo 3D.

Para configurar a exibição de contornos, clique na seta no botão **«Segmentação por contornos»** e marque os parâmetros necessários no menu de botões

- para ativar/desativar a exibição de contornos em um modelo 3D, marque/desmarque a caixa ao lado do item **«Mostrar contornos em 3D»**. Por padrão, a exibição dos contornos está ativa;

- para ativar/desativar a exibição do ponto de sincronização ao passar o mouse sobre o contorno, marque/desmarque a opção ao lado do item **«Mostrar ponto de sincronização»**. A opção é desativada por padrão;

- para ativar/desativar a reconstrução automática da estrutura segmentada ao longo dos contornos, marque/desmarque a opção ao lado do item **«Voxelização interativa»**. A opção é habilitada por padrão. Se a voxelização interativa estiver desativada, para reconstruir manualmente a estrutura segmentada, use o item **«Voxelizar»** no menu de contexto da ferramenta (para mais detalhes, consulte 6.10.3).

6.10.2 Construindo uma estrutura segmentada usando contornos

Para criar uma estrutura segmentada usando contornos, faça o seguinte:

1. Abra a análise na aba de reconstrução multiplanar. Crie uma estrutura vazia e personalize a máscara definindo os valores de densidade do tecido. Para obter mais informações sobre como criar uma máscara, consulte 6.2.1.

2. Ative a ferramenta **«Segmentação por contornos»** com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para trabalhar com uma ferramenta, use o botão que ativou a ferramenta. Para obter mais informações sobre gerenciamento de ferramentas, consulte 1.14.
   Construa o contorno de uma das seguintes maneiras:

   - **construção manual do contorno**. Mantenha o botão do mouse pressionado com que a ferramenta foi activada e desenhe um caminho ao redor da área selecionada. Solte o botão do rato para terminar o desenho. Para cancelar a construção de um contorno inacabado, pressione a tecla **«Esc»** do teclado sem soltar o botão do mouse;
   - **construção usando isolinhas**. Mova o cursor sobre a área selecionada enquanto mantém pressionada a tecla **«Shift»** no teclado. Uma isolinha com a mesma densidade de pontos é exibida sob o cursor. A isolinha é exibida apenas nos planos nos quais é possível desenhar um contorno. Para criar um contorno numa isolina, clicar no botão esquerdo do rato ou no botão do rato com o qual a ferramenta foi activada.

3. Passe para a próxima seção e contorne a área desejada. Os contornos são construídos apenas em planos paralelos. Com base nos contornos construídos, é criada uma estrutura segmentada, levando em consideração a máscara de edição. Para construir uma estrutura segmentada, são necessários pelo menos 2 contornos.

A estrutura segmentada pode não aparecer em uma seção com o primeiro e o último contorno.

Construção automática de contorno por seções da estrutura segmentada.

O contorno é construído sobre a fatia atual da estrutura segmentada existente. A estrutura segmentada na qual o contorno é desenhado, pode ser desenhada com quaisquer ferramentas. Para construir um contorno numa estrutura segmentada, as condições devem ser cumpridas:

- a fatia atual é paralela a outros contornos;
- não há outros contornos desta estrutura segmentada na fatia atual;

- o corte atual mostra a estrutura segmentada.

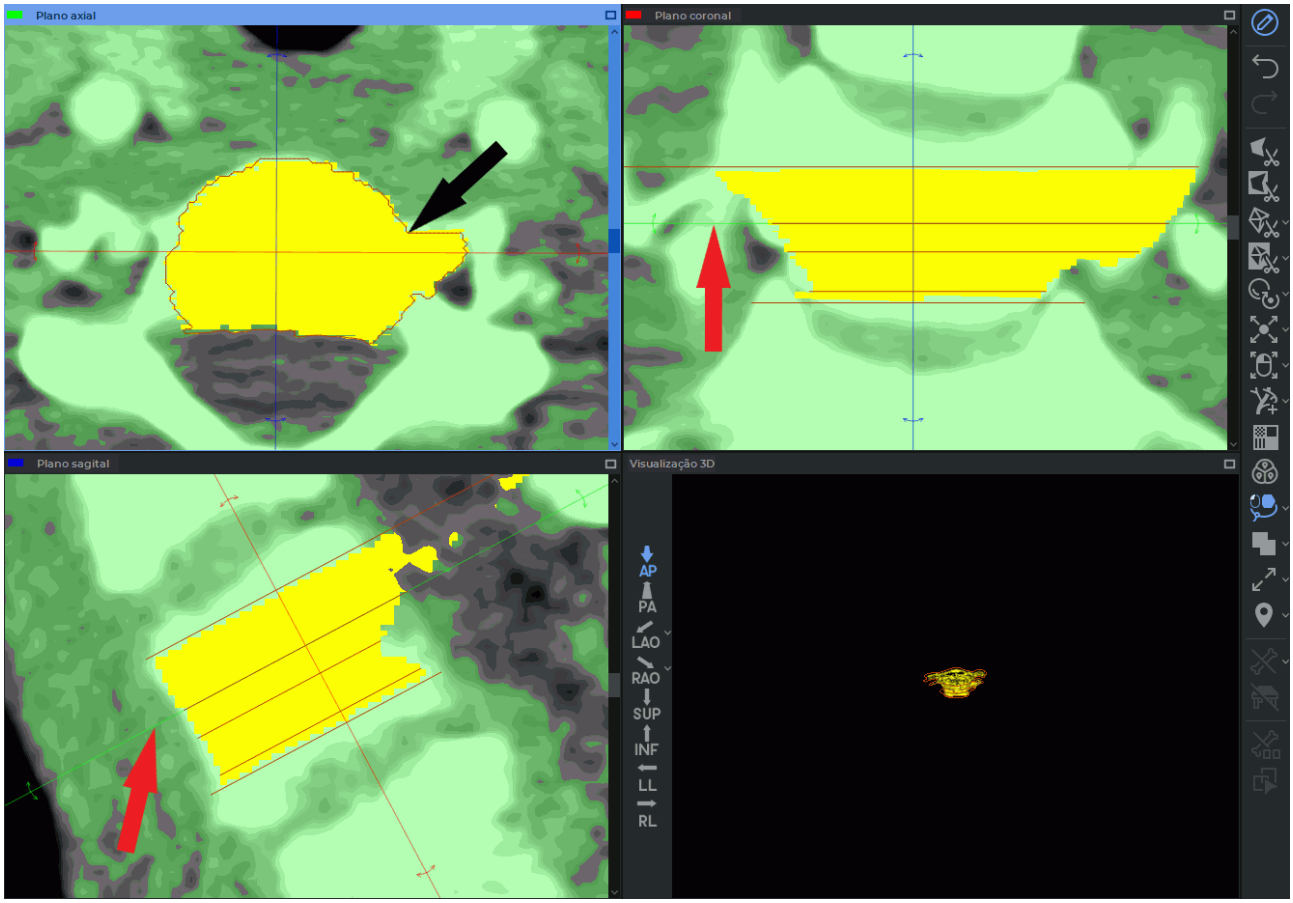


Figure 6.31: Construção de contornos a partir de fatias da estrutura segmentada

Mova o cursor sobre a seção paralelamente aos contornos da estrutura segmentada. A estrutura segmentada deve ser visível na fatia actual. Pressione o botão direito do mouse e selecione o item **«Criar contorno X»** no menu de contexto ou pressione a tecla **«X»** no teclado. Na seção atual, (indicado pela seta vermelha na Fig. 6.31) um contorno será construído ao longo do perímetro da seção visível da estrutura segmentada atual (indicado pela seta preta na Fig. 6.31). Se já houver um contorno (ou vários contornos) na seção atual, um novo contorno não será construído.

Para desfazer uma ação, clique no botão **«Desfazer»** . Para refazer a ação desfeita, no botão **«Refazer»** . Com um clique no botão **«Desfazer»** ou **«Refazer»**, você pode excluir ou retornar o contorno que foi construído em um clique.

As projeções de contorno são exibidas nas seções perpendiculares da aba **«Reconstrução MPR»** na janela **«Visualização 3D»** e nas seções nas quais são construídas. Se o corte não for perpendicular ao plano do contorno, então a projeção deste contorno não é exibida.

Ao passar o cursor sobre uma linha de contorno, ela é destacada em todas as janelas da aba.

Se a opção **«Mostrar ponto de sincronização»** estiver activada, ao passar o cursor sobre um contorno em qualquer janela de planos de secção ou na janela **«Visualização 3D»**, o retículo sob o cursor e o retículo sobre o contorno em outras janelas de tabulação sincronizadas com ele são exibidas.

Clicar em um contorno na janela **«Visualização 3D»** leva a uma transição para a janela **«Reconstrução MPR»** para a seção na qual este contorno está localizado.

6.10.3 Ações com os contornos

O DICOM Viewer permite que você execute as seguintes ações com contornos:

- **edição**. Para fazer isso, mova o cursor sobre o contorno selecionado. Ao passar o cursor, a linha de contorno é destacada em todas as janelas da aba. Clique com o botão do mouse no local onde deseja editar o contorno e, mantendo pressionado, desenhe um novo caminho de contorno. Solte o botão do mouse para concluir a edição do caminho.
  Para desfazer uma ação, clique no botão **«Desfazer»** . Para repetir a ação desfeita, no botão **«Refazer»** . Com um clique no botão **«Desfazer»** ou **«Refazer»**, você pode excluir ou retornar aquela parte do contorno que foi construída em uma etapa (desde o momento em que o botão do mouse foi pressionado até o momento em que foi solto);

- **reconstrução manual de uma estrutura segmentada**. É usado quando a reconstrução automática de uma estrutura segmentada está desativada no menu do botão **«Segmentação por contornos»**. Para fazer isso, mova o cursor sobre a linha de contorno, pressione o botão direito do mouse e selecione o item **«Voxelizar»**.
  Se o contorno for construído de acordo com a estrutura construída com outras ferramentas, após a voxelização, o cancelamento das ações torna-se impossível. Antes de realizar a voxelização, uma caixa de diálogo é exibida avisando que o histórico de alterações será perdido (Fig. 6.32);

  Para adotar as alterações, pressione **«CONTINUAR»**. Para cancelar a voxelização, pressione **«CANCELAR»**.

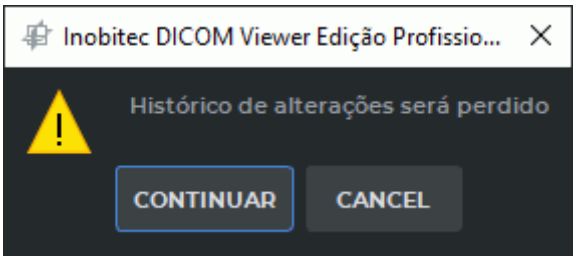


Figure 6.32: Aviso sobre a perda do histórico de alterações

- **remoção**. Para fazer isso, mova o cursor sobre a linha de contorno, premir a tecla **Delete** no teclado ou clicar com o botão direito do mouse e selecione o item **«Remover contorno»**.

Para desfazer uma ação, clique no botão **«Desfazer»** . Para repetir a ação desfeita, no botão **«Refazer»** . Ao apertar os botões **«Desfazer»** ou **«Refazer»** você pode excluir ou refazer o contorno que foi construído em uma etapa (desde o momento em que o botão do mouse foi pressionado até o momento em que foi solto).

6.10.4 Configurando de exibição do contorno

A configuração dos parâmetros de exibição do contorno é feita na janela de diálogocaixa de diálogo **«Opções de ferramenta»** (Fig. 6.33). A aparência e a funcionalidade da caixa de diálogo **«Opções de ferramenta»** dependem de como você a abre. A caixa de diálogo para definir os parâmetros de exibição do contorno pode ser acessada de duas maneiras:

1. Mova o cursor do mouse sobre a linha de contorno, clique com o botão direito e selecione o item **«Opções de ferramenta...»** no menu de contexto. A caixa de diálogo mostrada na Fig. 6.33 «a».

2. No painel de edição de volumes, clique na seta no botão **«Segmentação por contornos»** e selecione o comando **«Opções padrão...»** no menu do botão. Abre-se a caixa de diálogo mostrada na Fig. 6.33 «b».

Na seção **«Exibição»** da caixa de diálogo (Fig. 6.33), marque a cor e a espessura da linha de contorno em pixels. Na lista pendente **«Interpolação»** do bloco **«Voxelização»**, selecione a opção de interpolação para construir uma estrutura segmentada por contornos. Possíveis opções de interpolação:

- **Linear**;

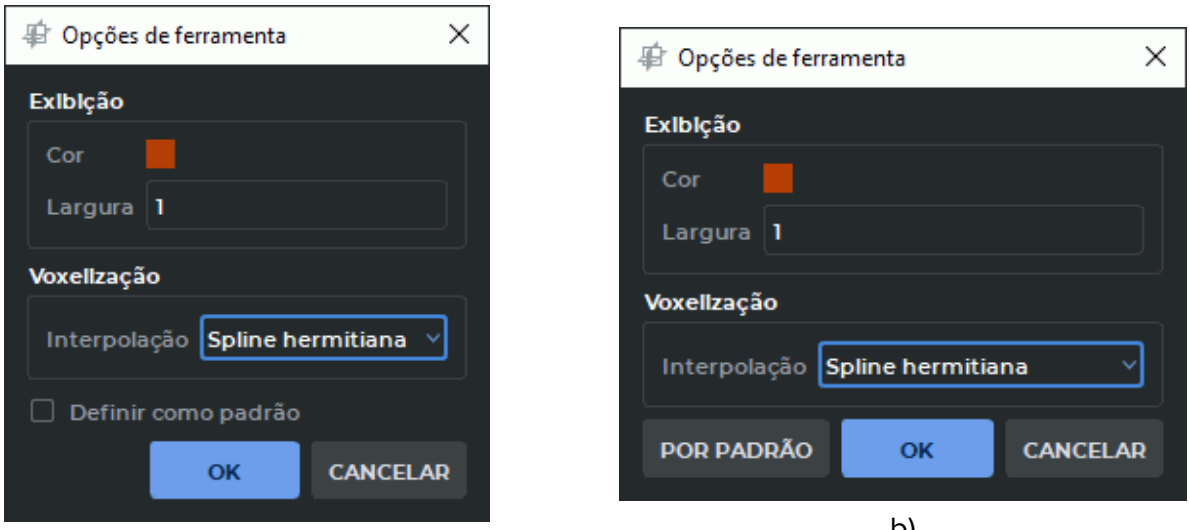
- **Spline hermitiana** (definido por padrão).

A opção de interpolação selecionada é exibida na próxima vez que você abrir a caixa de diálogo.

Os parâmetros definidos na caixa de diálogo Fig. 6.33 «a» são aplicados aos contornos da estrutura segmentada atual. Se você marcar a opção **«Definir por padrão»** essas configurações serão usadas por padrão ao construir os contornos de uma nova estrutura segmentada.

Os parâmetros definidos na caixa de diálogo Fig. 6.33 «b» são aplicados por padrão para a ferramenta **«Segmentação por contornos»**. As alterações não são aplicadas aos contornos construídos de estruturas segmentadas. Para restaurar as configurações originais da ferramenta, clique no botão **«POR PADRÃO»**.

Para aplicar as configurações, clique em **«OK»**. Para cancelar as alterações, clique em **«CANCELAR»**.



a) b)

Figure 6.33: Diálogo para definir os parâmetros do contorno

6.11 Salvando e abrindo projetos de segmentação e DTI

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O DICOM Viewer permite salvar projetos de segmentação e DTI em um arquivo. Um projeto pode conter estruturas DTI e dados para diferentes séries, bem como dados DICOM iniciais. Se o projeto for salvo sem os dados DICOM originais, é impossível abri-lo sem primeiro carregar a série (série) correspondente.

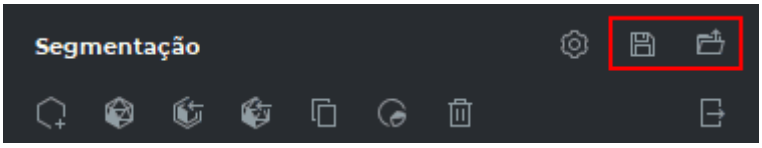


Figure 6.34: Botões de gestão de projectos

Os botões **«Salvar projeto de segmentação ao arquivo»** e **«Abrir projeto de segmentação de arquivo»** estão localizados no painel de estruturas segmentadas (destacado com uma moldura vermelha na Fig. 6.34).

6.11.1 Salvando um projeto

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para habilitar/desabilitar o salvamento dos dados DICOM originais, selecione no menu principal **Opções**->**Configurações...**->**Módulos**->**Reconstrução 3D**, a aba **«Projeto»** (Fig. 6.35) e marque/desmarque a opção **«Salvar dados DICOM de série>**. Por padrão, a economia de dados está habilitada.

O botão **«POR PADRÃO»** restaura a opção **«Salvar dados DICOM de série»**.

Clique em **«OK»** para aplicar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

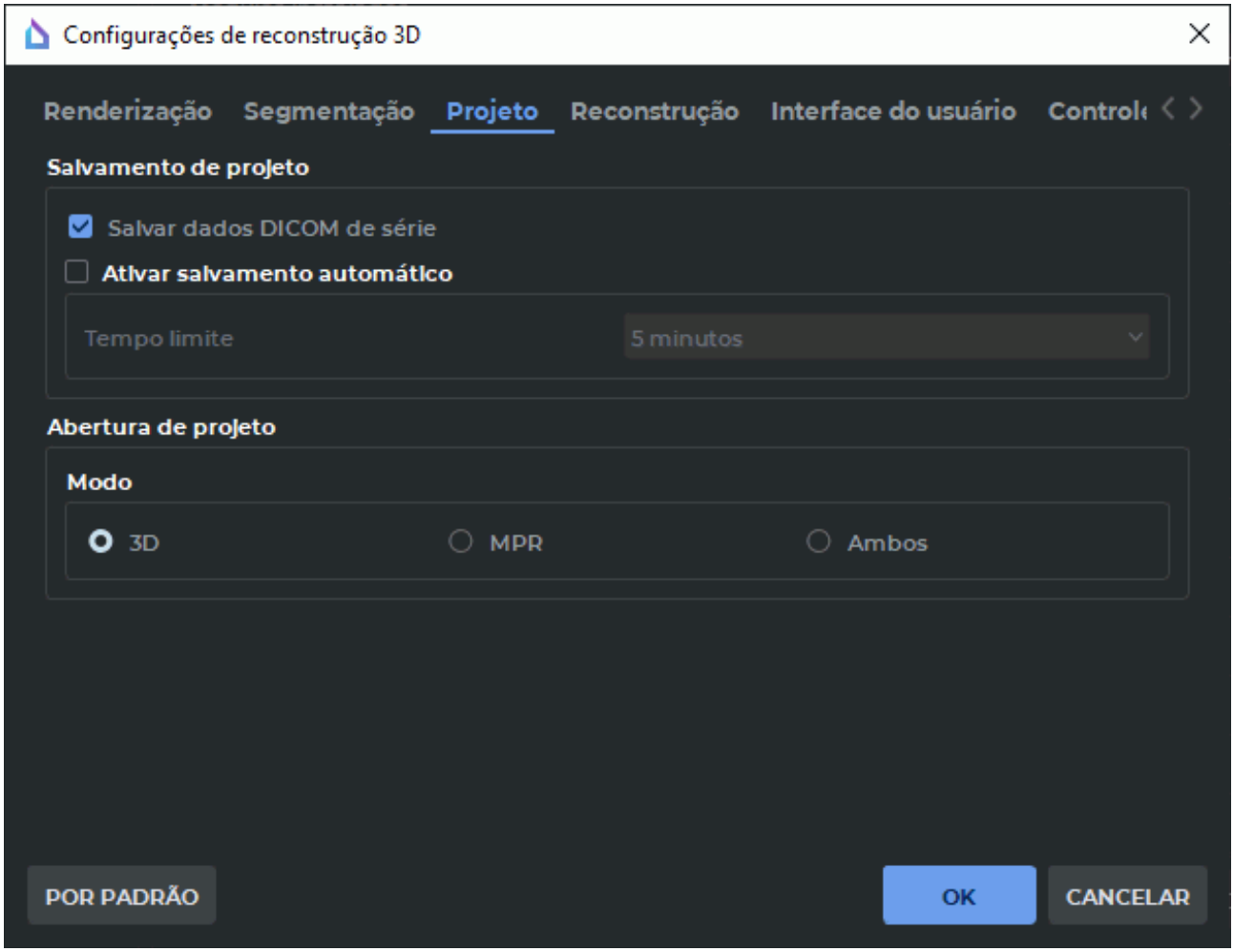


Figure 6.35: Caixa de diálogo de «Configurações de reconstrução 3D»

Para salvar o projeto, clique na botão **«Salvar projeto de segmentação ao arquivo»** , na caixa de diálogo aberta, digite o caminho para o arquivo e o nome do arquivo e clique em **«OK»** para salvar ou **«CANCELAR»** para cancelar a ação. O arquivo do projeto tem a extensão (spj).

O projeto armazena dados sobre a visibilidade e a capacidade de agrupamento de todos os itens da lista painel de segmentação, orientação do modelo e projeção. O estado de visibilidade e enrolamento dos elementos da lista do painel de segmentação, da orientação e da projeção do modelo são restaurados quando o projeto é aberto. Se for aberto um projeto criado pelo utilizador do DICOM Viewer. Na versão 2.14, inclusive, o estado dos itens da lista do painel de segmentação é determinado de acordo com a configuração é determinado de acordo com a definição da opção **«Recolher a nova estrutura na criação»** no separador **«Segmentação»** das definições do módulo **«Reconstrução 3D»** (ver Secção 16.7.3).

Se o projeto for aberto na aba de reconstrução multiplanar, serão restaurados:

- rotação e localização dos planos de corte;
- posição do modelo;
- escala modelo.

A rotação da seção do modelo na aba de reconstrução multiplanar não é restaurada.

Se o projeto for aberto na aba **«Reconstrução volumétrica»** ou na janela **«Visualização 3D»** da aba **«MPR»**, será restaurado o seguinte:

- rotação do modelo;
- posição do modelo;
- escala do modelo;
- tipo de projeção.

Se o projeto foi salvo na aba de reconstrução multiplanar e aberto na aba de reconstrução volumétrica, os parâmetros que se aplicam apenas à janela **«Visualização 3D»** são restaurados.

Os marcadores são salvos no projeto para cada camada: **«Marcador»**, **«Linha de marcador»** e **«Linha de marcador poligonal»**. As medições de comprimento e ângulo feitas usando linhas de marcadores poligonais são salvas no arquivo do projeto. Trabalhar com marcadores é descrito na Seção 5.12.

6.11.2 Salvamento automático de projetos

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O salvamento automático de projetos de segmentação serve para proteger contra perda de dados causada pelo encerramento prematuro do programa como resultado de uma falha técnica ou ações errôneas do usuário. O salvamento automático do projeto de segmentação e restauração dos dados está disponível ao trabalhar nas abas **«Reconstrução MPR»** e **«Reconstrução volumétrica»**.

Caso a licença de uso do módulo de segmentação avançada esteja ativa e na aba **«Reconstrução MPR»** ou **«Reconstrução volumétrica»** pela primeira vez, é realizada a operação de adicionar, excluir ou alterar:

- volume principal ou estrutura segmentada;
- superfícies para o volume principal ou estrutura segmentada;
- um grupo de DTI ROIs ou um DTI ROI individual;
- um marcador (exceto marcadores para estruturas segmentadas),

então uma caixa de diálogo aparece solicitando que você ative o salvamento automático de projetos de segmentação (Fig. 6.36).

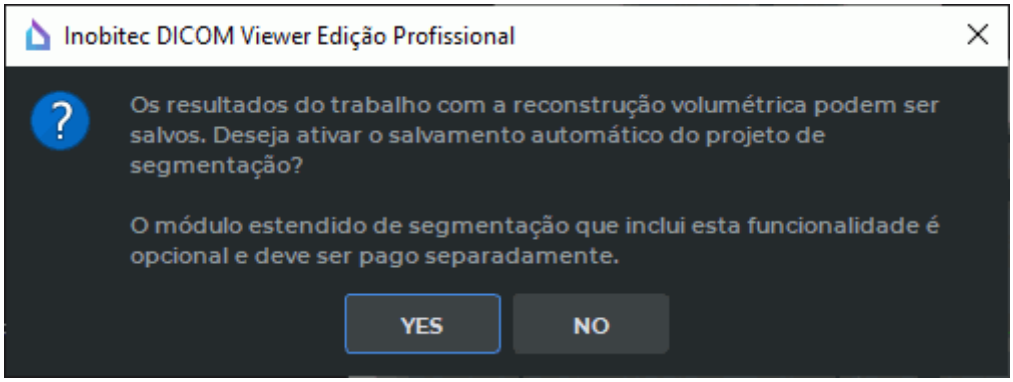


Figure 6.36: Caixa de diálogo para solicitação de ativação do salvamento automático de projetos de segmentação

Pressione **«SIM»** para ativar o salvamento automático de projetos de segmentação, ou **«NÃO»** para cancelar.

Para habilitar/desabilitar o salvamento automático de projetos de segmentação, selecione no menu principal **Opções**->**Configurações...**->**Módulos**->**Reconstrução 3D**, aba **«Projeto»** (Fig. 6.35) e marque/desmarque **«Ativar salvamento automático»**. Por padrão, o salvamento automático de projetos de segmentação está desabilitado. Na lista suspensa **«Tempo limite»**, selecione o intervalo de tempo entre os salvamentos automáticos. O intervalo padrão entre salvamentos automáticos é de 5 minutos.

A opção de salvamento automático está disponível apenas quando o módulo de segmentação avançada está ativado. Caso o módulo de segmentação avançada não esteja ativado, a opção «Ativar salvamento automático» é automaticamente desativada.

O salvamento automático de projetos de segmentação é executado em segundo plano (sem bloquear a interface do programa) com a frequência selecionada na lista suspensa **«Tempo limite»**.

Ao salvar projetos de segmentação automaticamente, um arquivo com a extensão *autospj* é criado na pasta temporária do sistema. Este arquivo inclui o seguinte:

- resultados da segmentação;
- estado de visibilidade das estruturas na lista do painel de segmentação:
  - a visibilidade dos volumes principais é guardada como uma visibilidade de estrutura separada;

  - a visibilidade do modelo de volume é guardada como a visibilidade da máscara da estrutura;

- estado de visibilidade e convolução das estruturas na lista do painel de segmentação, incluindo:
  - máscara aninhada e elementos de superfície;
  - elementos dos volumes principais, que são guardados como estruturas separadas;

- informações sobre a origem dos dados DICOM.

O seguinte pode ser usado como fonte de dados DICOM:

- armazenamento Local;
- pasta com arquivos dcm;
- arquivo DICOMDIR;
- arquivo XML;
- arquivo spj de terceiros;
- arquivo com arquivos dcm.

Os dados sobre alterações no volume base em diferentes guias que trabalham com o projeto de segmentação atual são armazenados como estruturas segmentadas separadas. Ao trabalhar com o mesmo projeto de segmentação em várias abas **«Reconstrução MPR»** e/ou **«Reconstrução volumétrica»**, o salvamento automático é realizado no mesmo arquivo.

Ao salvar manualmente um projeto de segmentação usando o botão **«Salvar projeto de segmentação ao arquivo»** na barra de segmentação (consulte a Seção 6.11.1), o arquivo *autospj* é excluído automaticamente.

Ao fechar a última aba de um projeto de segmentação que possui alterações não salvas, uma caixa de diálogo solicitando que você salve o projeto é exibida (Fig. 6.37).

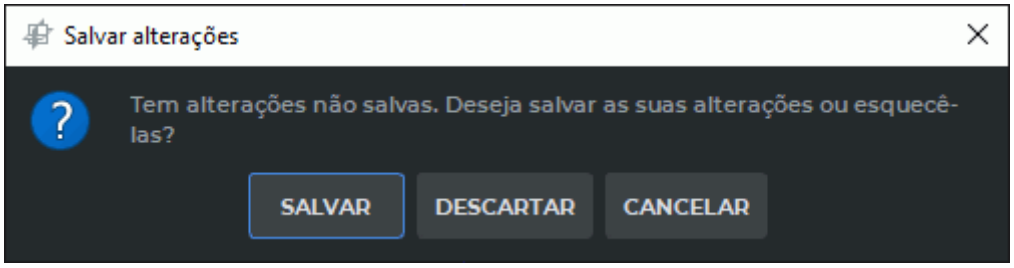


Figure 6.37: Diálogo para salvar alterações no projeto de segmentação

Clique **«SAVE»** para salvar o projeto, ou **«DISCARD»** para fechar a aba sem salvar. Para continuar trabalhando com o projeto, clique **«CANCEL»**. Depois que o projeto é salvo com sucesso ou a solicitação é rejeitada, o arquivo *autospj* é excluído automaticamente.

6.11.3 Restaurando trabalho com projetos de segmentação

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Se a opção de salvar automaticamente os projetos de segmentação foi ativada, um arquivo com a extensão *autospj* é criado e salvo na pasta temporária.

O nome do arquivo autospj é gerado com base no modelo:
<nome do paciente>_<descrição da série da 1 camada>_..._<descrição da série da enésima camada>_<número do projeto>_<hora e data>.autospj,
onde *<número do projeto>* é um número único atribuído automaticamente a um projeto de segmentação para uma série ou fusão de séries;
<hora e data> é hora e data da criação do arquivo no formato *hhmmssddMMaaaa*, onde «hh» são horas, «mm» são minutos, «ss» são segundos, «dd» é dia, «MM» é mês, «aaaa» é ano. O comprimento máximo de um nome de arquivo *autospj* é de 100 caracteres. Se o nome do arquivo for maior que o comprimento máximo, parte do nome será truncado antes do sufixo *_<número do projeto>_<hora e data>* o símbolo «∼» é exibido.

Se o DICOM Viewer travar, o arquivo do projeto será restaurado automaticamente na próxima vez que o programa for iniciado. O programa determina se o projeto precisa ser restaurado se um arquivo *autospj* for encontrado na pasta temporária e exibe uma caixa de diálogo solicitando que você continue trabalhando com projetos de segmentação desde o último salvamento automático (Fig. 6.38).

Na caixa de diálogo **«Configurações de recuperação de desastre»**, marque os arquivos de salvamento automático dos projetos que deseja restaurar. Se nenhum arquivo de salvamento automático for selecionado na caixa de diálogo, o botão **«OK»** estará inativo. Selecione o modo de abrir o projeto restaurado nas guias **«3D»**, **«MPR»** ou em ambas as guias **«Ambos»** ao mesmo tempo. Clique em **«OK»** para retomar o trabalho com os projetos de segmentação selecionados nas guias especificadas ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

A retomada do trabalho com vários projetos é feita na ordem dos arquivos *autospj* na caixa de diálogo **«Configurações de recuperação de desastres»**. O carregamento malsucedido de um dos projetos não afeta o carregamento dos outros.

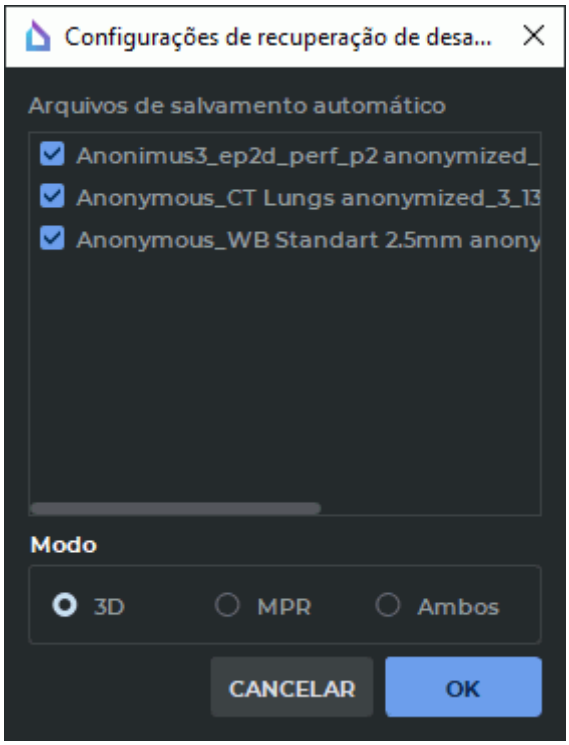


Figure 6.38: Diálogo de configurações de recuperação de desastres do projeto

Ao retomar o trabalho com o ficheiro de gravação automática, o estado de visibilidade e as estruturas recolhidas na lista do painel de segmentação dependerão do seu estado no momento da sua criação do ficheiro autospj.

Ao clicar no botão «CANCELAR», os arquivos autospj são excluídos da pasta temporária.

O arquivo *autospj* armazena apenas informações sobre a fonte de dados DICOM de terceiros. Se a origem especificada não puder ser acessada, o projeto de segmentação não poderá ser retomado.

Se um dos projetos de segmentação não puder ser retomado porque os dados DICOM da série não podem ser acessados, uma caixa de diálogo será exibida solicitando que você salve os dados do arquivo de salvamento automático em um arquivo .spj separado no disco. Depois de confirmar o salvamento, a caixa de diálogo de salvamento padrão do sistema é aberta. O nome do arquivo e sua localização são definidos pelo usuário.

Depois de salvar ou não, o arquivo autospj é excluído da pasta temporária.

6.11.4 Abrindo um projeto com dados DICOM iniciais

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Ao abrir um projeto, o DICOM Viewer o exibe na aba **«Reconstrução volumétrica»** ou **«Reconstrução MPR»**. Para configurar a aba padrão, selecione o menu principal **Opções**->**Configurações...**->**Módulos**->**Reconstrução 3D**, aba **«Projeto»** (Fig. 6.35) e selecione o modo de abertura do projeto **«3D»**, **«MPR»** ou **«Ambos»**. Por padrão, o parâmetro **«3D»** é selecionado.

O botão **«POR PADRÃO»** restaura a opção **«Salvar dados DICOM de série»**.

Clique em **«OK»** para aplicar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

O projeto salva os dados de orientação e projeção do modelo. A orientação e as projeções do modelo são restauradas quando o projeto é aberto. Veja a Seção 6.11.1.

Existem três maneiras de abrir um projeto contendo dados DICOM de origem na aba padrão:

1. Selecione **«Abrir projeto de segmentação de arquivo»** no menu **«Arquivo»**. Na janela que se abre, selecione o arquivo do projeto, clique em **«Abrir»** para abrir o projeto ou em **«Cancelar»** para cancelar a ação.

2. Clique duas vezes com o botão esquerdo do mouse no arquivo de projeto na janela do explorador. A função está disponível por padrão apenas no Windows. No macOS e Linux, use as ferramentas do sistema para configurar uma associação entre o formato (spj) e o programa DICOM Viewer.

3. Arraste o arquivo do projeto para o atalho DICOM Viewer (disponível apenas em Windows e macOS). Ao arrastar vários arquivos de projeto para o atalho do DICOM Viewer, cada arquivo é aberto em uma aba separada.

Para abrir uma parte de um projeto e especificar a aba na qual abri-la, faça o seguinte:

1. Selecione **«Abrir projeto como...»** no menu **«Arquivo»**. Na janela que se abre, selecione o arquivo do projeto, clique em **«Abrir»** para abrir o projeto ou em **«Cancelar»** para cancelar a ação. Abre-se a caixa de diálogo mostrada na Fig. 6.39.

2. Selecione a aba na qual deseja abrir o projeto (Modo**«3D»**, **«MPR»** ou **«Ambos»**). A aba selecionada será definida por padrão.

3. Selecione as opções para a série no bloco **«Lista de séries»** para as quais você deseja exibir os dados. Por padrão, todas as séries de projetos são marcadas com sinalizadores. Para evitar que a série seja aberta no projeto, limpe a opção dela.

4. A ordem em que as séries são exibidas é importante para trabalhar com um projeto. Por padrão, as séries aparecem na lista na mesma ordem em que o projeto de segmentação foi salvo. Para alterar a ordem de exibição das séries, selecione a série no bloco **«Lista de séries»**. Usando os botões **«Mover acima»** ⌃ e **«Mover abaixo»** ⌄ (marcados com uma moldura vermelha na Fig. 6.39), mova a série selecionada para cima ou para baixo.

5. Clique em **«OK»** para abrir o projeto ou **«CANCELAR»** para cancelar a ação.

6. A primeira série no bloco **«Lista de séries»** é tomada como principal.

   - A série principal na aba **«Reconstrução MPR»** é exibida como uma camada de plano de fundo atrás das outras camadas. A camada de fundo é fixa. O centro da camada de fundo é igual ao centro da janela. As camadas podem ser movidas em relação à camada de fundo e umas às outras com as ferramentas no painel de alinhamento de camadas. A combinação de camadas é descrita na Seção 4.3.

   - Um projeto aberto na janela de reconstrução 3D é exibido como modelos 3D construídos independentemente uns dos outros. A série base do projeto é exibida como um modelo 3D, fixado na origem, alinhado com o centro do modelo. Os modelos de outras séries estão localizados no espaço relativo ao modelo construído a partir da primeira camada. Alterar a ordem das camadas ao abrir um projeto não afeta a posição relativa dos modelos.

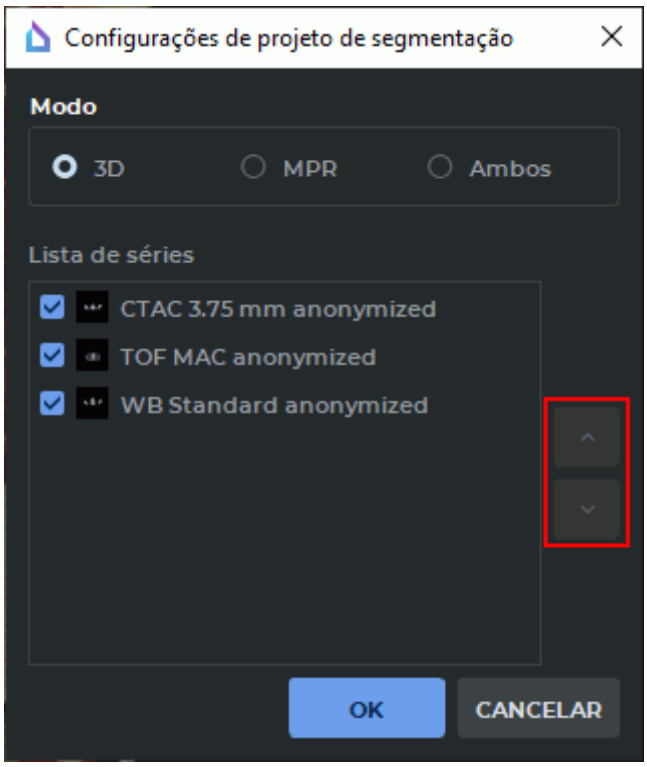


Figure 6.39: Diálogo para selecionar os parâmetros de abertura do projeto

Caso o projeto não contenha os dados DICOM originais, ao tentar abri-lo, ocorre o erro **«Não foi possível encontrar os dados DICOM no arquivo do projeto»**. A abertura de projetos sem dados DICOM é descrita na Seção 6.11.5.

6.11.5 Abrindo um projeto sem dados DICOM iniciais

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Você pode abrir um projeto que não contém os dados DICOM originais apenas abrindo primeiro os dados de origem na aba **«Reconstrução volumétrica»** ou **«Reconstrução MPR»**.

Para abrir um projeto que não contém dados de origem, faça o seguinte:

1. Abra na aba **«Reconstrução volumétrica»** ou **«Reconstrução MPR»** a série inicial (série) para a qual o projeto foi salvo.

2. Abra o painel de estruturas segmentadas clicando no botão. .

3. Clique no botão **«Abrir projeto de segmentação de arquivo»** na painel de estruturas segmentadas. Na janela que se abre, selecione o arquivo que contém o projeto desta série, clique em **«Abrir»** para abrir o projeto ou em **«Cancelar»** para cancelar a ação.

O projeto salva os dados de orientação e projeção do modelo. A orientação e as projeções do modelo são restauradas quando o projeto é aberto. Veja a Seção 6.11.1.

As estruturas segmentadas contidas no projeto e os dados DTI dessa série são adicionados ao painel de estruturas segmentadas. Quando o projeto é reaberto, os dados são adicionados novamente sem substituir os dados adicionados anteriormente. Ao editar estruturas no painel de segmentação, o conteúdo do arquivo não é alterado. Se o arquivo do projeto contiver dados de várias séries, então serão carregados apenas aqueles que correspondem à série atualmente aberta nas abas de volume ou reconstrução multiplanar.

6.12 Histogramas

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para estruturas, estão disponíveis ações com tabelas de cores, descritas na Seção 2.23.3. A diferença na exibição dos histogramas é que no modo de janela de imagem plana, o histograma é construído para toda a faixa de densidades e para a estrutura, apenas para a faixa que corresponde à máscara da estrutura.

6.12.1 Exibindo um histograma para uma estrutura

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite exibir histogramas do volume principal e da estrutura segmentada selecionada.

Para visualizar o histograma da estrutura segmentada selecionada na janela de reconstrução multiplanar, clique no botão **«Função de transferência de visualização»** na barra de ferramentas.

Na parte inferior da aba da análise, um painel de função de transferência de visualização é aberto com um histograma da estrutura segmentada selecionada. A cor do histograma da estrutura segmentada selecionada corresponde à cor personalizada da estrutura segmentada. A legenda do histograma especifica o nome da estrutura segmentada.

Se o volume principal for selecionado no painel de segmentação, apenas o histograma do volume principal será exibido no painel de função de transferência de visualização. Alterar a visibilidade e transparência da estrutura segmentada selecionada ou o volume principal, não afeta a exibição dos histogramas correspondentes.

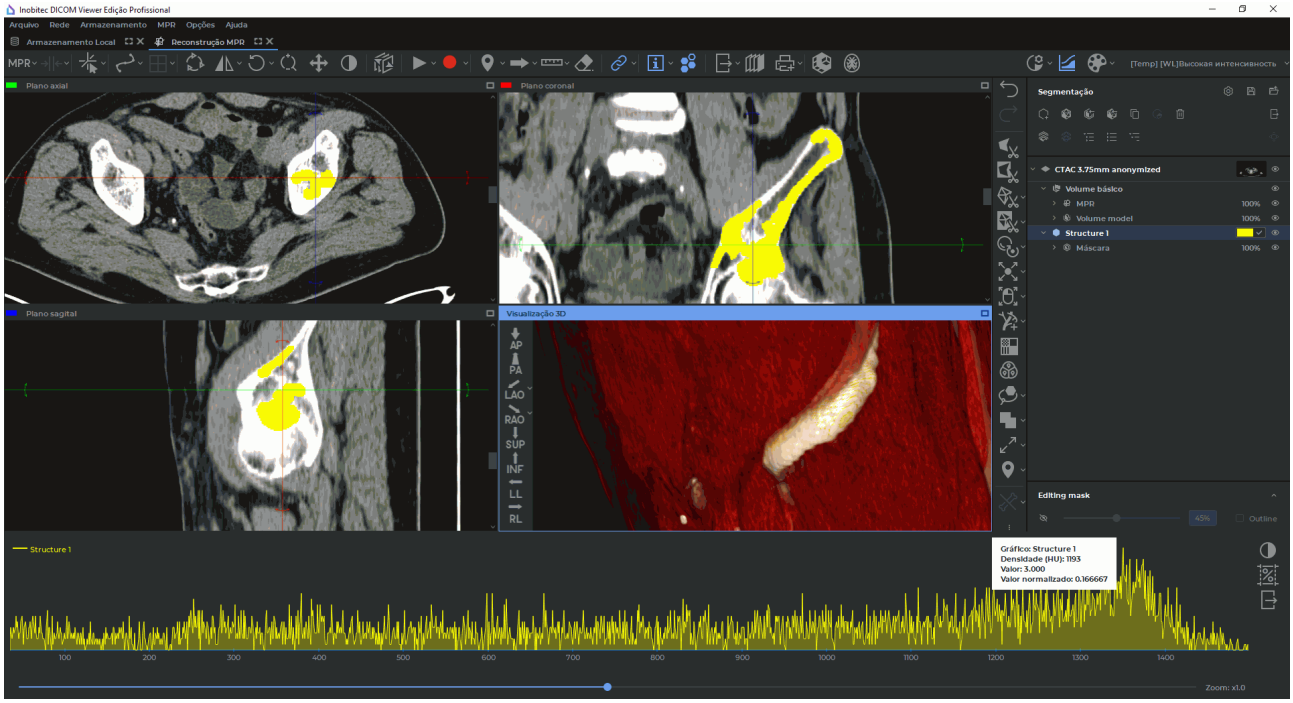


Figure 6.40: Histograma de estrutura segmentada

Passar o cursor do mouse sobre um ponto no histograma do volume principal ou estrutura segmentada exibe uma dica da ferramenta.

A dica de ferramenta contém os valores dos seguintes parâmetros:

- **Diagrama** — o nome do histograma;
- **Densidade (HU)** — intensidade na escala Hounsfield;

- **Valor** — o número de pontos que possuem uma determinada intensidade;
- **Valor normalizado**. Determinado pela fórmula:

$$\frac{y - y_{min}}{y_{max} - y_{min}} \tag{6.1}$$

onde:
y é o valor atual do histograma,
y_{min} é o valor mínimo do histograma,
y_{max} é o valor máximo do histograma.

A legenda do histograma indica o nome da estrutura segmentada ou volume principal.

Se a janela de **«Visualização 3D»** estiver ativa na aba de reconstrução multiplanar, então para o volume principal no painel da função de transferência de visualização, o histograma do volume principal e a função de transferência da tabela de cores atual são exibidos.

Passar o cursor do mouse sobre um ponto no gráfico da função de transferência de visualização -exibe uma dica de ferramenta.

A dica de ferramenta contém os valores dos seguintes parâmetros:

- **Densidade (%)** intensidade medida como uma porcentagem do nível/largura da janela (W/L). O parâmetro é calculado pela fórmula:

$$D_{\%} = (D - Min_{W/L}) * \frac{100}{Max_{W/L} - Min_{W/L}} \tag{6.2}$$

  onde:
  D intensidade,
  $Min_{W/L}$ é o valor mínimo da janela,
  $Max_{W/L}$ o valor máximo da janela.

- **Opacidade** varia de 0,0 a 1,0.

O valor de opacidade exibido na dica de ferramenta é arredondado para o 0,001 mais próximo.

6.12.2 Histograma para ROI

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O histograma para o ROI é um gráfico da distribuição das intensidades dos pontos que entraram no ROI. O DICOM Viewer exibe histogramas para ROI nas abas Visualizador de imagens, Reconstrução multiplanar e Análise PET.

Para visualizar o histograma de ROI na janela selecionada, clique no botão **«Função de transferência de visualização»** na barra de ferramentas. Na parte inferior da aba da análise, um painel de função de transferência de visualização é aberto com um histograma para ROI e uma função de transferência de visualização na parte superior do histograma de ROI.

Na aba para **«Visualizador de imagens»**, um histograma é construído para todos os ROI que são exibidos na janela da aba selecionada. Ao adicionar um novo ROI, rolar ou alternar para outra janela, o histograma para ROI é reconstruído de acordo com a nova imagem.

Se o modo de visualização de várias imagens de uma série ao mesmo tempo, 2x2, 2x3, etc., for selecionado, o histograma será construído para o ROI na imagem superior esquerda.

Na aba de reconstrução multiplanar, o histograma ROI é exibido nas janelas **«Plano axial»**, **«Plano sagital»**, **«Plano coronal»** e **«Evolvente»**. Se a aba de reconstrução multiplanar estiver aberta para mesclar séries, ao alternar as camadas, o histograma ROI será reconstruído de acordo com os valores de intensidade na seção atual da camada selecionada.

Na aba **«Análise PET»**, um histograma é construído para todos os ROI colocados na imagem atual da janela da série selecionada: **«PET»**, **«CT»** e **«Fusão (PET+CT)»**. Na janela **«Fusão (PET+CT)»**, um histograma é construído para a camada PET.

Chapter 7

Análise de vasos

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O diagnóstico na janela de análise de vasos só é possível com base em séries com modalidades CT e MR. As patologias encontradas devem ser investigadas nas imagens originais na janela de Visualizador de imagens

Erros significativos são possíveis ao medir a intensidade em um ponto. Nesse caso, o valor da intensidade é exibido com um asterisco. Para uma medição precisa, é necessário usar um filtro de interpolação bilinear (Seção 5.3).

O DICOM Viewer contém um módulo de análise de vasos (universal) e um módulo de análise de artérias coronárias (adaptado para análise de artérias coronárias). Ambos os módulos são licenciados separadamente. Sua funcionalidade basicamente coincide e as diferenças se baseiam nas peculiaridades da localização das artérias coronárias. Este capítulo descreve o módulo de análise vascular. As diferenças no módulo da artéria coronária são descritas na Seção 7.8.

7.1 Abrindo uma análise no módulo de análise vascular

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para visualização no módulo «Análise de vasos», devem ser utilizadas séries das modalidades CT, MR ou XA adequadas para construção de reconstrução volumétrica (3D).

Para abrir uma análise no módulo de análise vascular, faça o seguinte:

1. Carregue os análises no DICOM Viewer.

2. Selecione o exame desejado no painel de exames.

3. No painel de séries, selecione a série com contraste das modalidades CT, MR ou XA.

4. Clique no botão **«Análise de vasos»** na barra de ferramentas. Para selecionar a opção de posicionamento da aba desejada (na janela atual, em uma janela separada, no modo de tela cheia), clique na seta no botão. Para abrir a janela de análise de vasos em uma nova aba na janela atual, clique no lado esquerdo do botão. O processo pode demorar algum tempo.

Ao abrir um exame de CT, o DICOM Viewer solicitará que você selecione uma série sem contraste para remover os ossos

A caixa de diálogo para selecionar uma série sem contraste é exibida automaticamente somente quando a série é aberta pela primeira vez. Ao reabrir esta série, a caixa de diálogo não é exibida. Neste caso, a caixa de diálogo pode ser acessada manualmente a partir do menu do botão «Novo vaso».

As seguintes séries não são exibidas na caixa de diálogo para selecionar uma série sem contraste para remover estruturas ósseas (Fig. 7.1):

- com modalidade diferente de CT;

- incompatível com 3D;

- atual (aberto na aba **«Análise de vasos»**).

Selecione uma série sem contraste na caixa de diálogo que se abre e clique em **«OK»** para excluir os ossos ou **«CANCELAR»** para cancelar a exclusão.

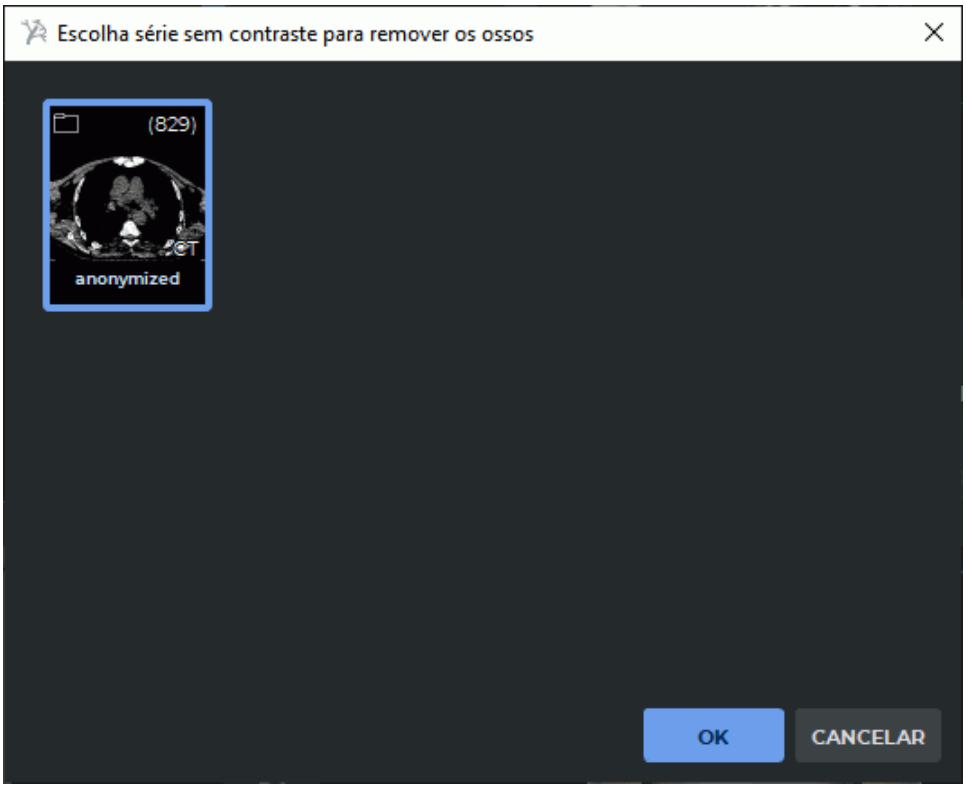


Figure 7.1: Diálogo para selecionar séries sem contraste para remoção de estruturas ósseas

Se não houver séries adequadas para remoção de estruturas ósseas no estudo, a caixa de diálogo não será exibida.

Para abrir a caixa de diálogo para remover os ossos manualmente, clique na seta na parte direita (Fig. 7.1) do botão **«Novo vaso»** e selecione o comando **«Remover ossos»**.

O comando só está disponível para séries com modalidade CT. Caso não existam séries adequadas para remoção de estruturas ósseas no estudo, ao selecionar o comando **«Remover ossos»** uma mensagem informativa é exibida.

O processo de remoção óssea leva algum tempo.

Para ativar/desativar a exibição da caixa de diálogo para solicitação de série sem contraste para remover estruturas ósseas ao abrir um estudo, selecione o menu principal **Opções**->**Configurações...**->**Módulos**->**Análise de vasos**, aba **«Interface do usuário»** e marque/desmarque **«Solicite uma série sem contraste para remover os ossos na abertura da janela»**. Por padrão, a exibição da caixa de diálogo de consulta está habilitada.

A janela de análise de vasos é mostrada na Fig. 7.2.

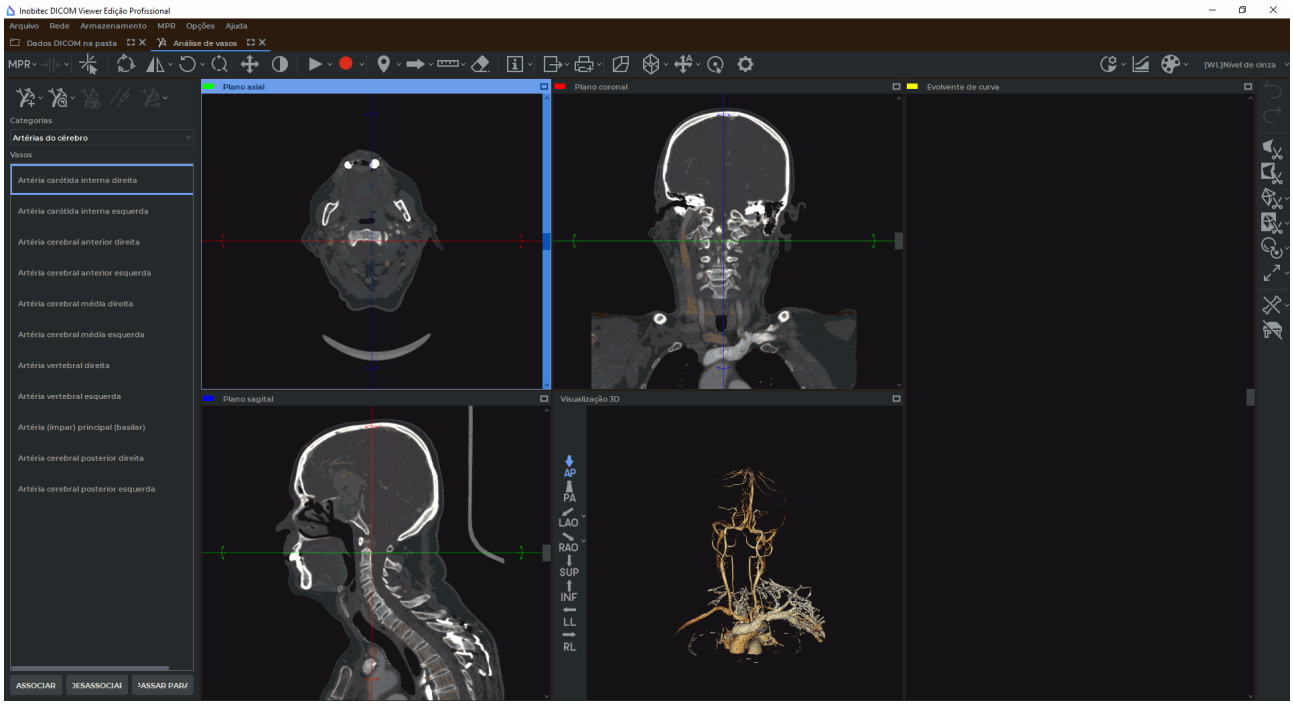


Figure 7.2: Janela de «Análise de vasos»

A janela contém janelas para cortes dos planos axial, frontal e sagital, bem como uma janela para reconstrução volumétrica. A janela de reconstrução volumétrica exibe um modelo volumétrico e um painel de orientações espaciais padrão do modelo é colocado. Para mais informações, veja 3.3. Essas janelas são usadas para desenhar a linha central. A janela **«Evolvente de curva»** exibe o vaso desdobrado.

A deslocação dos planos seccionais é semelhante à deslocação dos planos seccionais no separador **«Reconstrução MPR»** e é descrito na Secção 5.5.1.

Para cancelar a rotação de todas as imagens e varrimentos de curvas, clique no botão **«Redefinir orientação da vista»** na barra de ferramentas.

7.1.1 Lista de vasos

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

As linhas centrais construídas são salvas até que a janela seja fechada na lista de vasos. Para salvar a linha construída, selecione no painel mostrado na Fig. 7.3, um grupo de vasos na lista suspensa **«Categorias»**, selecione o vaso desejada abaixo e clique no botão **«ASSOCIAR»**. O ícone aparece ao lado do vaso selecionada na lista. Para ir para a linha central construída anteriormente, selecione o vaso desejado na lista e clique no botão **«PASSAR PARA»**. Para remover a linha central da lista de salvas, clique no botão **«DESASSOCIAR»**. O ícone desaparece.

Atenção! Se a linha central atual não estiver conectada a nenhum dos vasos da lista, ela será perdida ao passar para outra linha.

Figure 7.3: Lista de vasos

7.2 Ferramenta «Configurações de renderização»

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

A ferramenta **«Configurações de renderização»** o permite ajustar a qualidade da visualização modelo volumétrico e o limite de opacidade na janela **«Visualização 3D»**. A ferramenta está disponível na barra de ferramentas nas abas **«Análise de vasos»** e **«Análise das artérias coronárias»**. A operação da ferramenta é descrita na Seção 3.14.

7.3 Ferramenta «Executar»

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O funcionamento da ferramenta nas janelas do MPR é similar ao descrito na Seção 5.10, e na janela de reconstrução 3D, na Seção 3.6.

7.4 Gravação de vídeo

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O DICOM Viewer permite gravar vídeo para a janela de visualização de seções de um dos planos, desenvolvimento e janela de visualização de reconstrução volumétrica. Para janelas MPR, o seguinte é gravado em vídeo:

- imagens de tecidos do volume principal;
- medidas;
- anotações;
- marcadores;
- tag;
- cubo de orientação;
- linha central.

Quando uma janela de corte é selecionada por outro plano, uma varredura ou uma janela de visualização de reconstrução volumétrica, a gravação de vídeo é interrompida.

Caso contrário, o funcionamento da ferramenta nas janelas do MPR é semelhante ao descrito na Seção 2.15, e na janela de reconstrução 3D, na Seção 3.7.

7.5 Filtros de imagem

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Essa funcionalidade não pode ser utilizada para definir o diagnóstico

O trabalho com os filtros nos separadores **«Análise de vasos»** e **«Análise das artérias coronárias»** e semelhante ao trabalho no separador **«Visualizador de imagens»** (ver Secção 2.6), com exceção de duas diferenças:

- para aplicar um filtro na **«Análise de vasos»** ou na **«Análise das artérias coronárias»**, selecionar o menu principal **MPR**->**Filters** e, a partir da lista de filtros do menu principal, selecionar o filtro pretendido. O filtro atual é destacado na lista de filtros é destacado a azul e marcado com uma bandeira;

- nos separadores **«Análise de vasos»** e **«Análise das artérias coronárias»**, o filtro é aplicado a todas as janelas do plano seccional e à janela de desenrolamento.

7.6 Modo de construção de linha central

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para a análise, é necessário construir uma linha central, que é automaticamente localizada no centro condicional do vaso. Apenas uma linha central pode ser construída por vez. Para salvar a linha construída e construir uma nova, associe-a a um vaso específico na lista à esquerda da janela (mais detalhes na Seção 7.1.1).

É necessário controlar a construção da linha central e, se necessário, corrigi-la

7.6.1 Construindo uma linha central

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

A construção é possível de duas maneiras. Para selecionar um método, clique na seta no botão **«Novo vaso»** e escolha o método apropriado (Fig. 7.4). O método de compilação atual é marcado com um sinalizador.

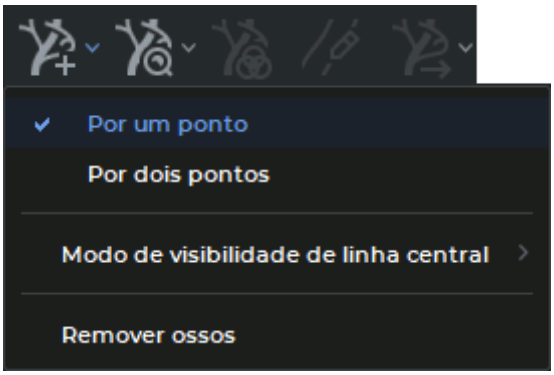


Figure 7.4: Escolhendo como desenhar a linha central

1. Construção por um ponto. Neste modo, a linha é desenhada em ambas as direções desde o ponto inicial até a distância máxima. Se o vaso se bifurcar ao longo do caminho de construção, a linha será construída em um ramo arbitrário. Para construir, clique com o botão esquerdo no ponto inicial.

2. Baseando-se em dois pontos. Neste modo, a linha é desenhada do ponto inicial ao ponto final. Para desenhar, clique nos pontos inicial e final.

Caso não seja possível traçar uma linha de centro para os pontos selecionados, aparecerá a -mensagem **«Falha ao traçar linha central de vaso deste(s) ponto(s)»**.

Se a linha for desenhada incorrectamente, recomece a desenhá-la premindo o botão **«Novo vaso»** , ou edite-a.

- **Mudando o ponto de vista**. Coloque o cursor sobre a linha central do recipiente. Quando o cursor é colocado sobre a linha central do recipiente, são exibidos pontos. Realçar o ponto a ser movido na curva. O ponto seleccionado na curva está centrado nas janelas dos planos secantes com orientação para a direcção da linha central. Manter premido o botão esquerdo do rato e mover o ponto nas janelas do plano dividido. Para sair do modo ponto móvel, clicar com o botão esquerdo do rato na área junto à curva;

- **Acrescentar um ponto.**. Coloque o cursor sobre a linha central do recipiente. Quando o cursor é colocado sobre a linha central do recipiente, são exibidos pontos. Para adicionar um ponto, mova o cursor para o local onde pretende adicionar um ponto, clique com o botão direito do rato e seleccione **«Adicionar ponto»** no menu que aparece. A

curva irá mudar para que passe pelo novo ponto. Um novo ponto pode ser acrescentado para estender a linha central do navio;

- **Continuação da curva até ao fim do navio**. Coloque o cursor sobre a linha central do recipiente. Quando o cursor é colocado sobre a linha central do recipiente, são exibidos pontos. Para continuar uma curva, seleccionar o ponto mais exterior da curva, clicar com o botão direito do rato e depois seleccionar o comando **«Traçar desta ponta»**. A curva estende-se até ao fim da embarcação;

- **Remoção de parte de uma curva (segmento)**. Para apagar um segmento, coloque o cursor no primeiro ponto do segmento de modo a que todos os pontos sejam realçados, clique com o botão direito do rato e escolha **«Remover segmento»** no menu que se abre. A parte mais curta da curva de um lado do ponto e a secção entre este ponto e o ponto vizinho do outro lado são removidos;

- **Remoção de um ponto**. Coloque o cursor sobre a linha central do recipiente. Quando o cursor é colocado sobre a linha central do recipiente, são exibidos pontos. Para apagar um ponto seleccionado, passe o ponteiro do rato sobre ele. Clicar com o botão direito do rato e seleccionar **«Remover ponto»** no menu que aparece.

Para a construir, são usados ou os dados iniciais da análise ou os dados de reconstrução de volumes. Para selecionar dados para construir, clique na seta no botão **«Novo vaso»** e escolha o método apropriado.

A linha central construída mostra-se no Fig. 7.5.

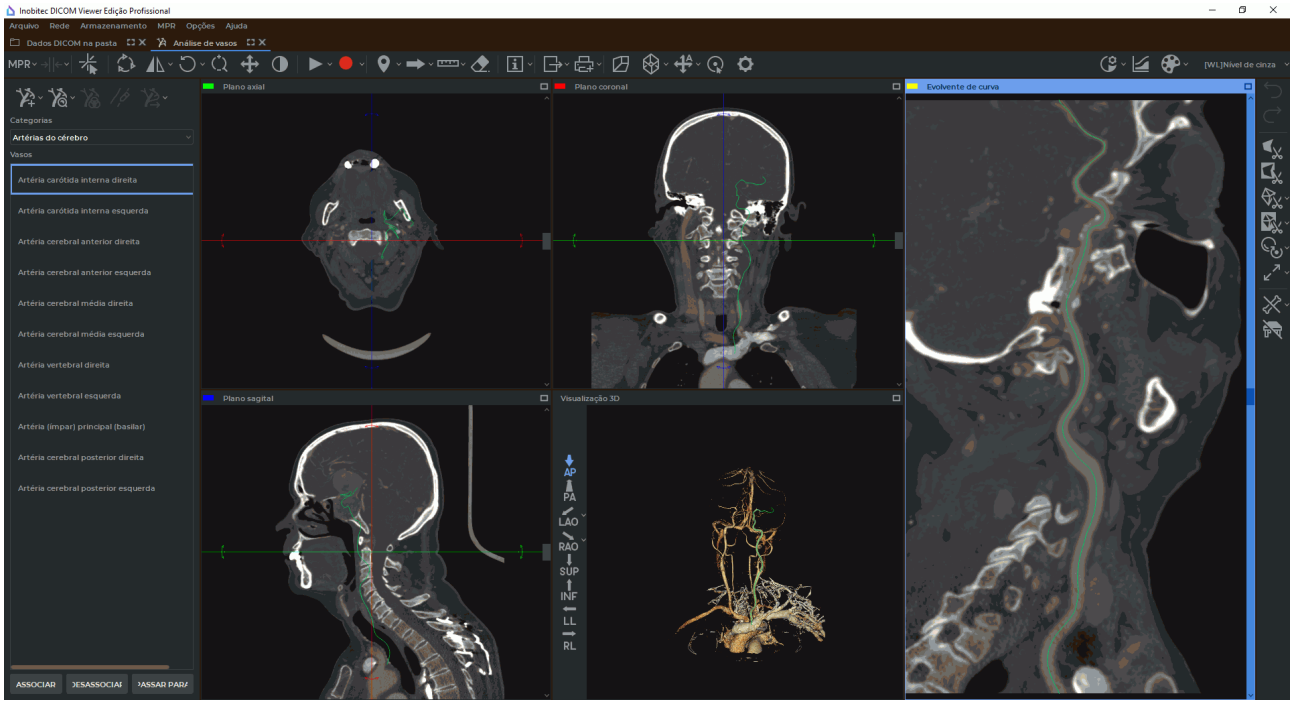


Figure 7.5: Linha central

Para selecionar o modo de exibição da linha central do vaso, clique na seta no botão **«Novo vaso»** . Novo vaso e selecione o comando **«Modo de visibilidade de linha**

central» (Fig. 7.6). O comando também está disponível no menu de contexto. O modo de exibição atual da linha central do vaso é marcado com um indicador.

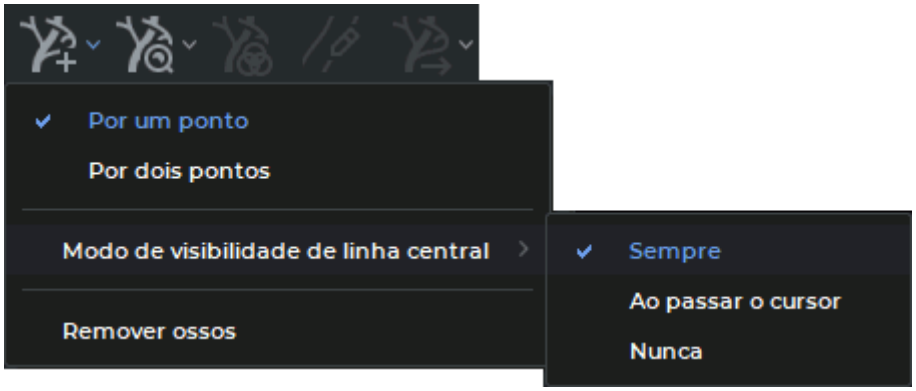


Figure 7.6: Selecionando o modo de exibição da linha central do vaso

- **Sempre**. A linha central do vaso é exibida permanentemente nas janelas Seções planas, Reconstrução volumétrica, **«Evolvente de curva»** e **«Vaso endireitado»**. Quando você move o cursor do mouse sobre a linha central, os pontos de controle são exibidos. O modo é definido por padrão;

- **Ao passar o cursor**. A linha central do vaso é exibida permanentemente apenas na janela de reconstrução de volume. A linha central do vaso é exibida nas janelas de seção transversal por planos, **«Vaso endireitado»** e **«Evolvente de curva»** se o cursor do mouse estiver localizado sobre ela ou um dos pontos de referência for selecionado;

- **Nunca**. A linha central do vaso é exibida permanentemente apenas na janela de reconstrução de volume. Em outras janelas, a linha central não é exibida.

As configurações de exibição da linha central do vaso serão aplicadas na próxima vez que você abrir a janela **«Análise de vasos»**.

7.7 Modo de análise de vasos

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Depois de desenhar as linhas centrais desejadas, mude para o modo de análise de vasos pressionando o botão do **«Modo de análise»** . A janela no modo de análise de vasos é mostrada na Fig. 7.7.

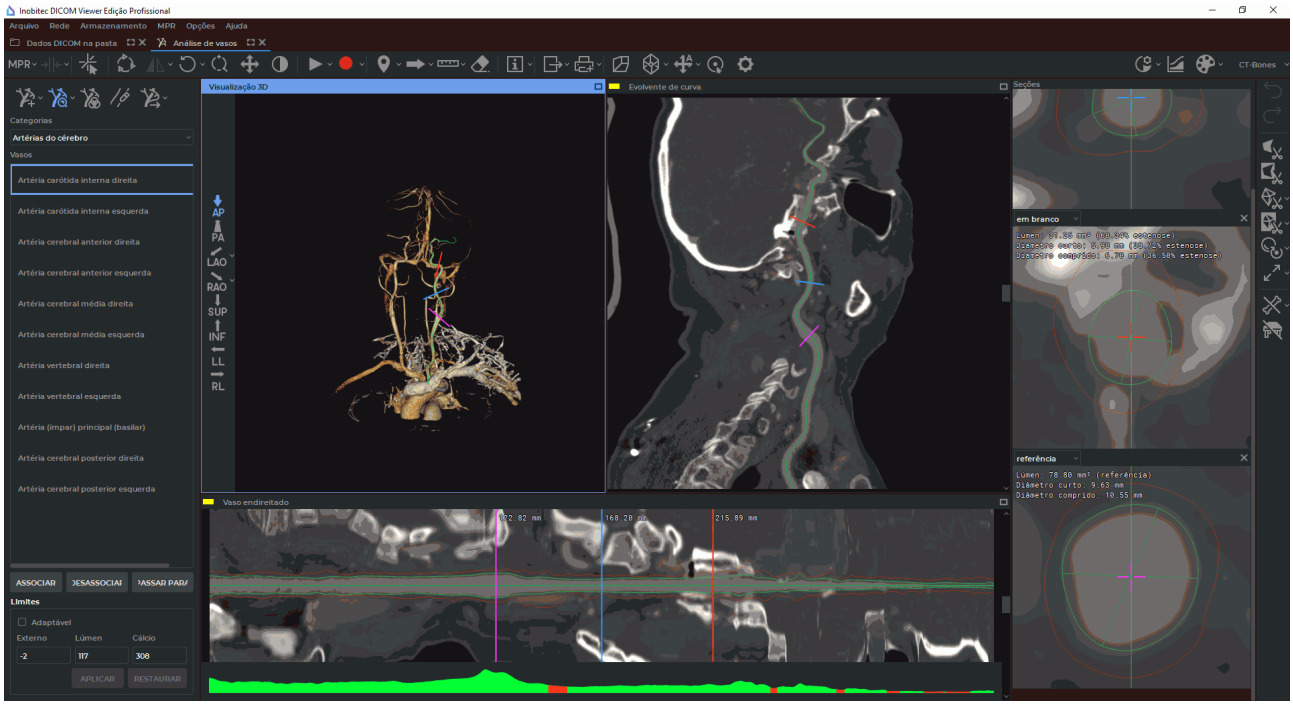


Figure 7.7: Janela de «Análise de vasos» no modo de análise de vasos

A janela **«Visualização 3D»** mostra uma reconstrução tridimensional, a janela **«Evolvente de curva»** mostra a vista desdobrada do vaso, a janela **«Vaso endireitado»** mostra o vaso desdobrado com uma linha central endireitada e limites contornados, a janela **«Seções»** mostra as seções do vaso por planos perpendiculares às tangentes à linha central.

Não é possível alterar a linha central no modo de análise vascular. Para alterá-lo, volte para o modo de construção da linha central pressionando o botão **«Modo de análise»** .

7.7.1 Limites do vaso

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Ao determinar os limites dos vasos, os valores limite das densidades são calculados para os limites interno e externo do vaso e os limites das calcificações dentro do vaso (Fig. 7.9). Se não forem encontradas calcificações, o valor correspondente é deixado em branco. Se a bandeira **«Adaptável»** for colocada, os limiares de densidade são calculados para cada fatia do recipiente. Isto permite um mapeamento mais preciso dos limites e das calcificações das embarcações. A bandeira é definida por defeito.

Para ver os tecidos correspondentes às faixas de densidade, clique no botão **«Mostrar tecidos de vaso»** . Na janela **«Seções»** Tecidos com intensidade entre a borda interna e a borda do cálcio (lúmen do vaso) são destacados em verde, aqueles com intensidade entre as bordas externa e interna (parede do vaso) são destacados em marrom, aqueles com intensidade acima da borda do cálcio (calcificações) são brancos. Os limites dos vasos são

construídos de acordo com os limites, mas devido à suavização, eles não correspondem exatamente aos limites. Na janela **«Vaso endireitado»** a linha verde indica a borda interna do vaso, vermelho, borda externa (Fig. 7.10).

Se o sinalizador **«Adaptável»** estiver definido na barra de limiares, então a coloração das densidades limiares dos tecidos é realizada apenas na caixa **«Seções»**, pois as densidades limiares neste caso são calculadas para cada corte. Se o sinalizador **«Adaptável»** for apagado, os limiares de densidade também serão exibidos em cores na caixa **«Vaso endireitado»**.

A linha central é mostrada como uma linha reta.

Para editar as bordas, ative a ferramenta **«Editar contornos de vaso»** , clique com o botão esquerdo em um local arbitrário próximo à borda, a borda passará pelo ponto selecionado. Ao mover o mouse com o botão esquerdo pressionado, a borda segue a trajetória do cursor.

É necessário controlar a construção de limites e a definição de valores limite para as margens e calcificações. Se necessário, altere os limites e limiares manualmente

Para selecionar o modo de exibição das bordas das embarcações, clique na seta no botão **«Modo de análise»** e selecione o comando **«Modo de visibilidade de contornos»** (Fig. 7.8). O comando também está disponível no menu de contexto se o modo de análise vascular estiver ativo. O modo atual de exibição dos contornos da embarcação é marcado com uma bandeira.

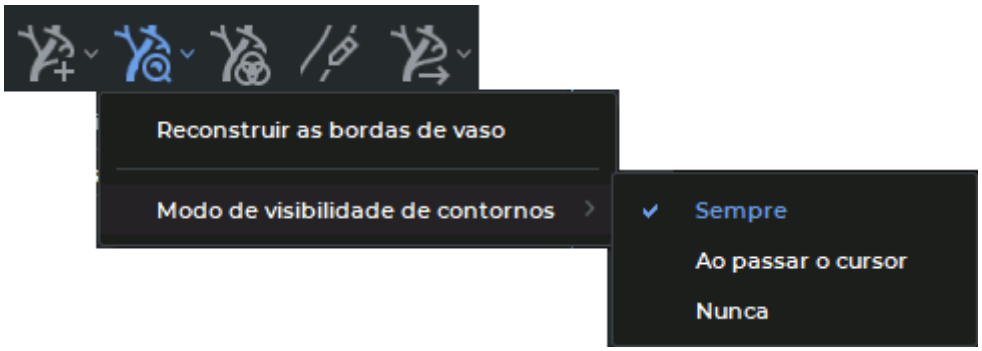


Figure 7.8: Selecionando o modo de exibição dos contornos dos vasos

- **Sempre**. Os contornos da embarcação são permanentemente exibidos nas caixas **«Seções»** e **«Vaso endireitado»**. O modo é definido por padrão;
- **Ao passar o cursor**. Os contornos dos vasos são exibidos nas caixas **«Seções»** e **«Vaso endireitado»** se o cursor do rato estiver posicionado sobre os contornos;
- **Nunca**. Os contornos dos vasos não são exibidos em nenhuma aba da caixa.

Para alterar os limites, remover a bandeira **«Adaptável»** e introduzir os novos valores nos campos apropriados e premir o botão **«APLICAR»**. Os limites são reconstruídos de acordo com os novos valores. Para retornar aos limites calculados automaticamente, clique no botão **«RESTAURAR»**.

Figure 7.9: Painel de valores limiares

Para cancelar todas as alterações e retornar às bordas iniciais, clique nas setas ao lado direito do botão **«Modo de análise»** e selecione **«Reconstruir as bordas de vaso»**.

Na parte inferior da janela **«Vaso endireitado»**, há um gráfico de alterações na área do lúmen do vaso. As áreas onde a estenose é possível são mostradas em vermelho no gráfico, as áreas restantes são mostradas em verde.

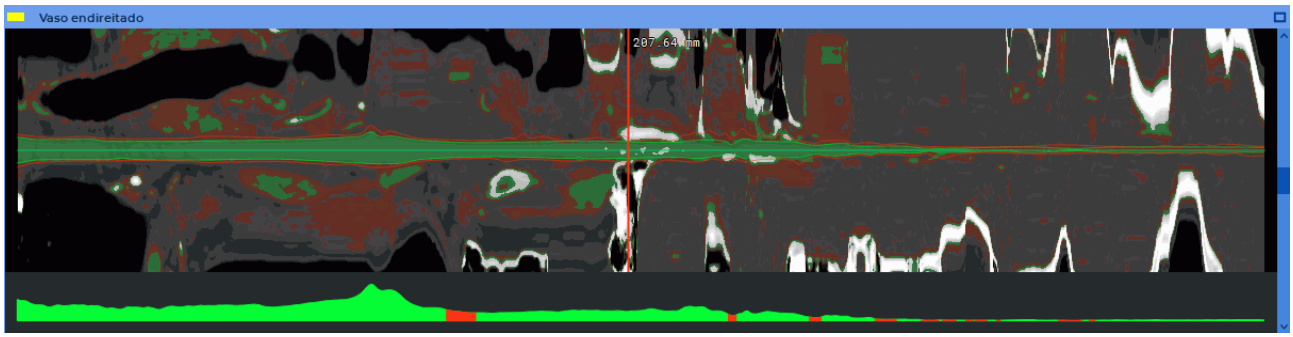


Figure 7.10: Destaque colorido dos limiares de densidade

7.7.2 Análise das seções do vaso

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para adicionar uma seção, mova o cursor sobre a linha central na janela **«Evolvente de curva»**, **«Vaso endireitado»** ou **«Visualização 3D»**, clique com o botão direito do mouse e selecione o comando **«Adicionar seção»** no menu de contexto para adicionar uma seção regular e **«Adicionar referência»** para adicionar uma seção de referência.

Para excluir, mova o cursor sobre a seção em qualquer uma dessas janelas, clique com o botão direito do mouse e selecione o comando **«Remover seção»** no menu de contexto ou clique na cruz no canto superior direito da janela de visualização da seção (Fig. 7.11).

A posição da cruz na seção corresponde à posição da linha central.

As bordas interna e externa são mostradas em verde e vermelho. Editar os limites na janela da visualização da seção (Fig. 7.11) também é possível com a ferramenta **«Editar contornos de vaso»** desligada.

A linha amarela na seção corresponde ao plano, cuja seção é mostrada na janela **«Vaso endireitado»**. Para girar o plano de corte na janela de vista de corte (Fig. 7.11) mova o cursor sobre ele de forma que apareça uma seta de duas pontas, e enquanto mantém pressionado o botão esquerdo do mouse, mova o mouse.

Na janela de visualização de seção, além dos limites, os seguintes parâmetros são calculados:

- Lúmen;
- Diâmetro curto;
- Diâmetro comprido;

Se uma das seções for selecionada como referência para as demais os valores relativos de diâmetros e áreas são calculados como uma porcentagem em relação à selecionada. Se duas seções forem selecionadas como seções de referência, então, para as seções restantes, a área relativa é calculada em relação à média aritmética das áreas das seções de referência. Recomenda-se que as seções de referência sejam colocadas em ambos os lados da seção para a qual você deseja calcular a área relativa se o vaso estiver se estreitando. Para tornar uma seção uma referência ou normal, selecione o parâmetro necessário na lista pendente no canto superior esquerdo da janela de vista de seção (Fig. 7.11).

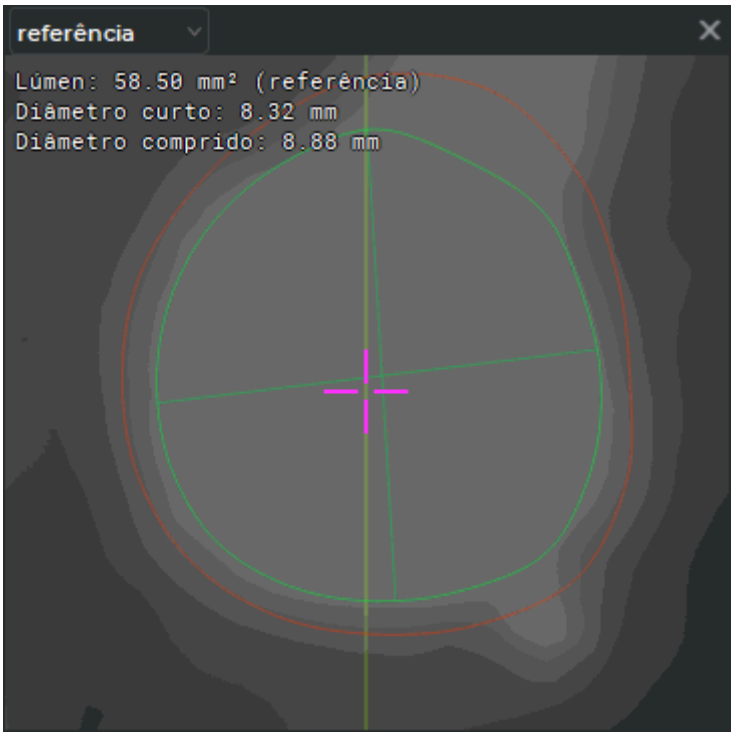


Figure 7.11: Janela de visualização de seções

7.7.3 Análise de desdobramento do vaso

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O desdobramento do vaso é exibido nas janelas **«Evolvente de curva»** e **«Vaso endireitado»**.

A janela **«Vaso endireitado»** mostra a distância desde o início da embarcação até à secção.

Para analisar um intervalo de vaso, realce o intervalo na janelo **«Vaso endireitado»**. Para fazer isso, mova o cursor para o início do intervalo e, mantendo pressionado o botão esquerdo do mouse, mova o mouse até o final do intervalo e solte o botão. O intervalo construído mostra-se no Fig. 7.12. Os limites do intervalo são mostrados como seções brancas.

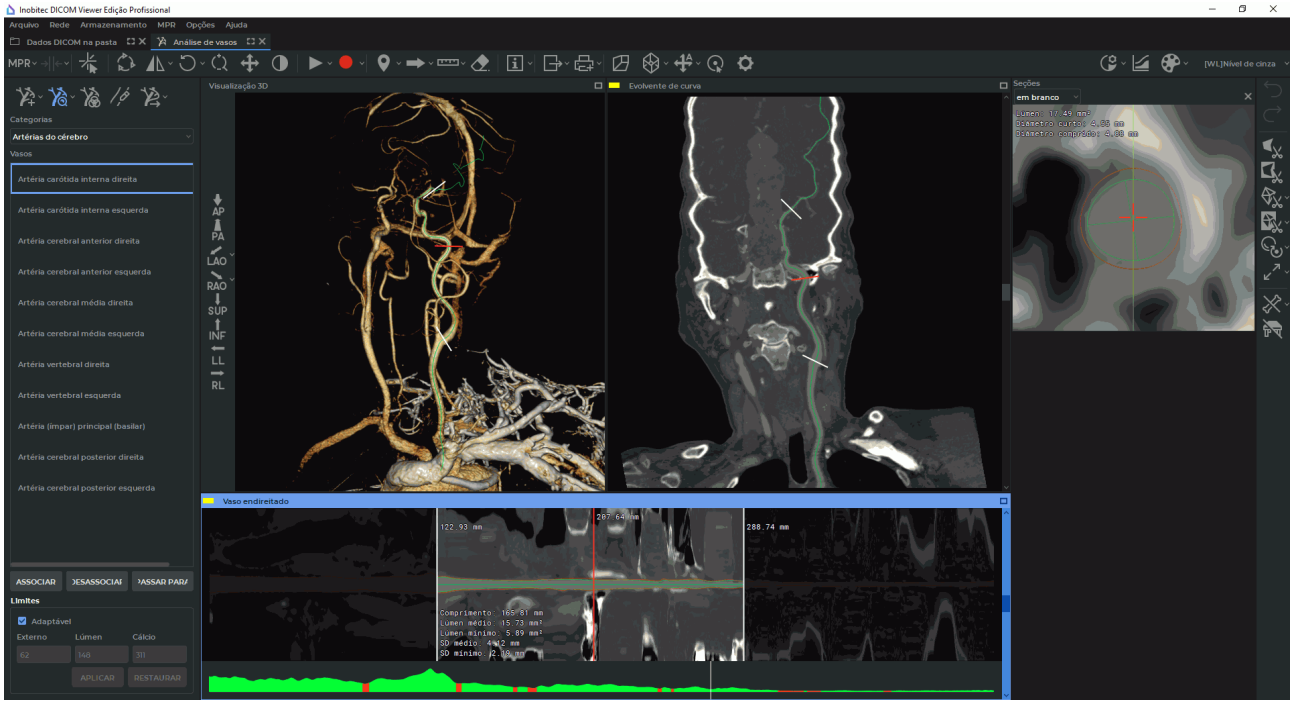


Figure 7.12: Intervalo do vaso

Os seguintes parâmetros são calculados para o intervalo:

- Comprimento;
- Lúmen médio;
- Lúmen mínimo;
- SD médio;
- SD mínimo.

Para mover o limite do intervalo, coloque o cursor na seção branca correspondente em qualquer uma das janelas **«Visualização 3D»**, **«Evolvente de curva»** ou **«Vaso endireitado»** e mova-o com o mouse enquanto mantém pressionado o botão esquerdo. Para excluir um intervalo, clique com o botão esquerdo em qualquer lugar na janela **«Vaso endireitado»**. Para criar vários intervalos, crie mantendo pressionado a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) no teclado.

7.7.4 Exportação da superfície do vaso

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para exportar a superfície do vaso para um arquivo, clique no botão **«Exportar malha de superfície de vaso»** na caixa de diálogo que se abre, selecione o tipo de (ply, obj ou stl) e salve a grade.

Para fechar as extremidades do vaso, clique na seta no botão **«Exportar malha de superfície de vaso»** , selecione o item **«Exportar parâmetros...»** e marque a opção **«Fechar lados»**.

7.8 Análise das artérias coronárias

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O diagnóstico na janela de análise da artéria coronária só é possível com base na série com a modalidade de CT. As patologias encontradas precisam ser mais investigadas nas imagens originais no visualizador de imagens planas

Para a análise das artérias coronárias, o módulo de análise de artérias coronárias está incluído no DICOM Viewer. Sua funcionalidade é basicamente a mesma do módulo de análise vascular. Este módulo é licenciado separadamente.

A vantagem do módeulo de análises de artérias coronárias é que aorta é detectada automaticamente e a linha central da artéria coronária é cortada na entrada da aorta.

Características do módulo de análise da artéria coronária:

1. A análise é possível para séries de modalidade CT.
2. O módulo não contém a funcionalidade de subtração de ossos.
3. Apenas as artérias coronárias estão disponíveis na lista de vasos.

Para abrir uma análise na janela análise de artérias coronárias, clique no **«Análise das artérias coronárias»** na barra de ferramentas. Para selecionar a opção de posicionamento da aba desejada (na janela atual, em uma janela separada, no modo tela cheia), clique

na seta no botão. Para abrir a janela de análise da artéria coronária em uma nova aba na janela atual, clique no lado esquerdo do botão. O processo pode demorar algum tempo.

A aba **«Análise das artérias coronárias»** contém janelas para seções dos planos axial, frontal e sagital e a janela para reconstrução volumétrica. A janela de **«Visualização 3D»** exibe um modelo 3D e contém um painel de orientações espaciais padrão do modelo (para mais detalhes, consulte a Seção 3.3). A janela **«Evolvente de curva»** exibe o vaso desdobrado.

Chapter 8

Análise do cardíaca

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

A funcionalidade do módulo é implementada na forma de dois modos independentes: **«Análise da função»** e **«Análise T1»**.

- o modo **«Análise da função»** é concebida para efetuar análises quantitativas da função ventricular cardíaca a partir de um conjunto de projeções curtas através da delineação de regiões de interesse (ROI). O contorno manual e automático está disponível. Os parâmetros funcionais dos ventrículos cardíacos são calculados com base no conjunto de contornos construídos.

  Análise da função ventricular esquerda com base no método de Simpson, é efetuada em séries de modalidades de «MR» com imagens orientadas ao longo do eixo curto do coração.

- no modo **«Análise T1»** é realizada uma avaliação quantitativa do tempo de relaxamento T1 (relaxamento longitudinal) de tecidos como o miocárdio, com a exibição posterior desses valores no mapa paramétrico. No quadro de análise de imagens, o DICOM Viewer permite o processamento de sequências dos tipos MOLLI, ShMOLLI, SASHA.

8.1 Modo de análise da função cardíaca

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

8.1.1 Abrir um estudo para análise funcional do coração

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para abrir um estudo para análise funcional do coração, execute os seguintes passos:

1. Selecione um estudo, realce a série da modalidade **«MR»** com imagens, orientadas ao longo do eixo curto e longo do coração. Em alguns casos, não é necessário selecionar as séries com imagens orientadas ao longo do eixo longo do coração. Consulte a Secção 1.10 para obter mais detalhes sobre a seleção de séries.

2. Clique no botão **«Análise cardíaca»** na barra de ferramentas. Para selecionar a opção de colocação de separadores pretendidas (na janela atual numa janela separada, no modo de ecrã inteiro), clique na seta do lado direito do botão. Para abrir a janela de análise cardíaca num novo separador na janela atual, clique no botão . O processo pode demorar algum tempo.

   A ferramenta **«Análise cardíaca»** também está disponível na secção **«Exibir»** do menu principal.

3. Quando o módulo de análise cardíaca é ativado, é apresentada a caixa de diálogo **«Inserir os dados para análise cardíaca»** (Fig. 8.1). Na lista pendente selecione o modo **«Análise da função»**. Este modo analisa e avalia os parâmetros funcionais do coração.

   O modo **«Análise T1»** permite criar um mapa de tempo de relaxamento T1 para avaliação quantitativa das alterações no tecido cardíaco. Este modo é descrito detalhadamente na Secção 8.2.1.

   No modo **«Análise da função»** DICOM Viewer combina automaticamente as séries selecionadas pelo utilizador em grupos. Um grupo consiste em uma ou mais séries, que são unidas com base no paralelismo dos planos. Se houver mais do que uma série num grupo, é criada uma série combinada. Para cada grupo de séries, o seu tipo é automaticamente definido: com imagens, **SAX** (Short axis series) ou com imagens orientadas ao longo do eixo longo do coração **LAX** (Long axis series). O tipo de série pode nem sempre ser determinado automaticamente. Neste caso, a lista de tipos de eixos e apresentado **—** .

   Se as séries que estão a ser mescladas tiverem o mesmo nome, o sufixo (xN) é adicionado à descrição da série mesclada para cada grupo com o mesmo nome, onde N é o número de séries com o mesmo nome.

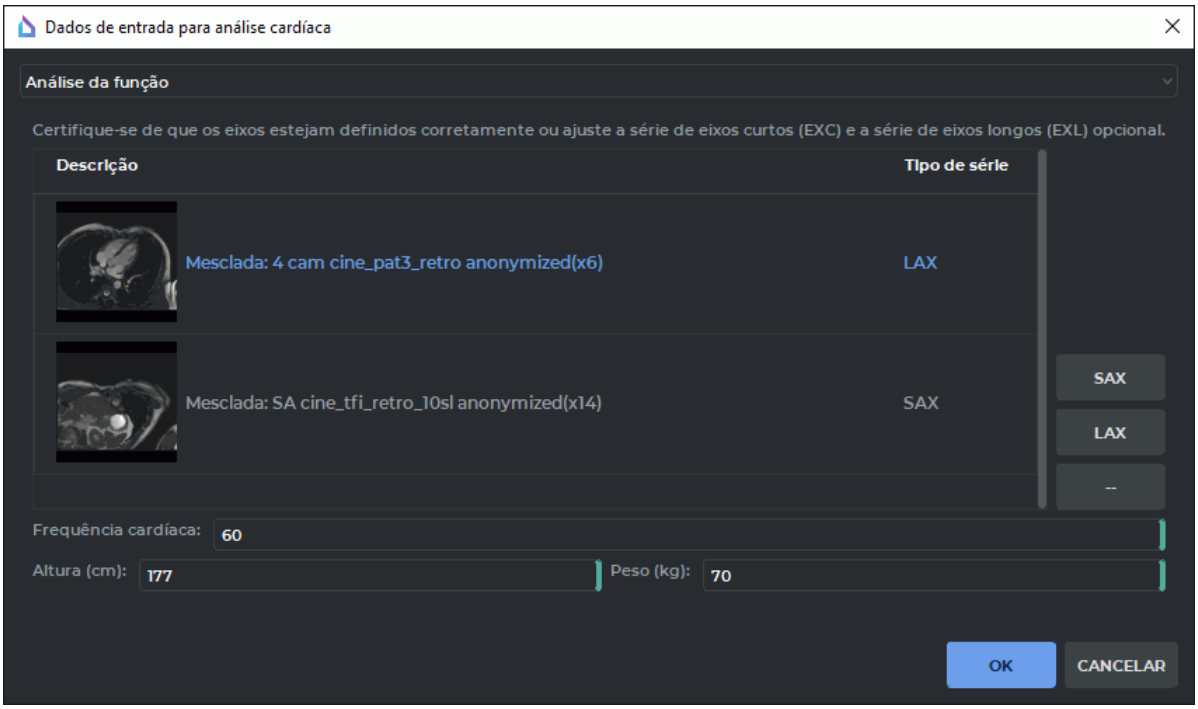


Figure 8.1: Caixa de diálogo de dados de entrada para análise cardíaca

O utilizador pode alterar o tipo de eixo para um grupo. Para isso, selecione o grupo e clica no botão **«Definir como EXC»** ou **«Definir como EXL»**. Para analisar determinadas funções cardíacas, é opcional um conjunto de séries com imagens orientadas ao longo do eixo longo do coração (LAX) é opcional.

Para redefinir o tipo de eixo de um grupo, realce-o na lista e clique em **«Redefinir o tipo de eixo»** **—** .

Para continuar o trabalho, é necessário definir o tipo de eixo SAX para pelo menos uma das séries ou grupos.

4. A parte inferior da caixa de diálogo apresenta as informações do doente que foram descarregadas automaticamente. Nem todas as informações podem ser descarregadas automaticamente, mas apenas parte delas. Neste caso, os restantes parâmetros do doente têm de ser introduzidos manualmente:
   - frequência cardíaca (batimentos/min);
   - altura (cm);
   - peso (kg).
5. Premir **«OK»** para introduzir dados para a análise funcional cardíaca. Para cancelar a introdução de dados, prima **«CANCELAR»**.

Se na caixa de diálogo **«Inserir os dados para análise cardíaca»** (Fig. 8.1) não estiverem definidos todos os parâmetros, o botão **«OK»** está inativo.

No separador **«Análise cardíaca»**, abre-se a janela com as séries fundidas SAX e a janela com a série combinada LAX (Fig. 8.2). No lado direito do separador encontra-se a barra de

ferramentas de análise cardíaca. Sob as janelas SAX e LAX, existe um painel de contornos, que se destina à navegação entre as imagens e ao controlo dos contornos (ver Secção 8.1.7 para mais detalhes). Por defeito, o painel de contornos está expandido.

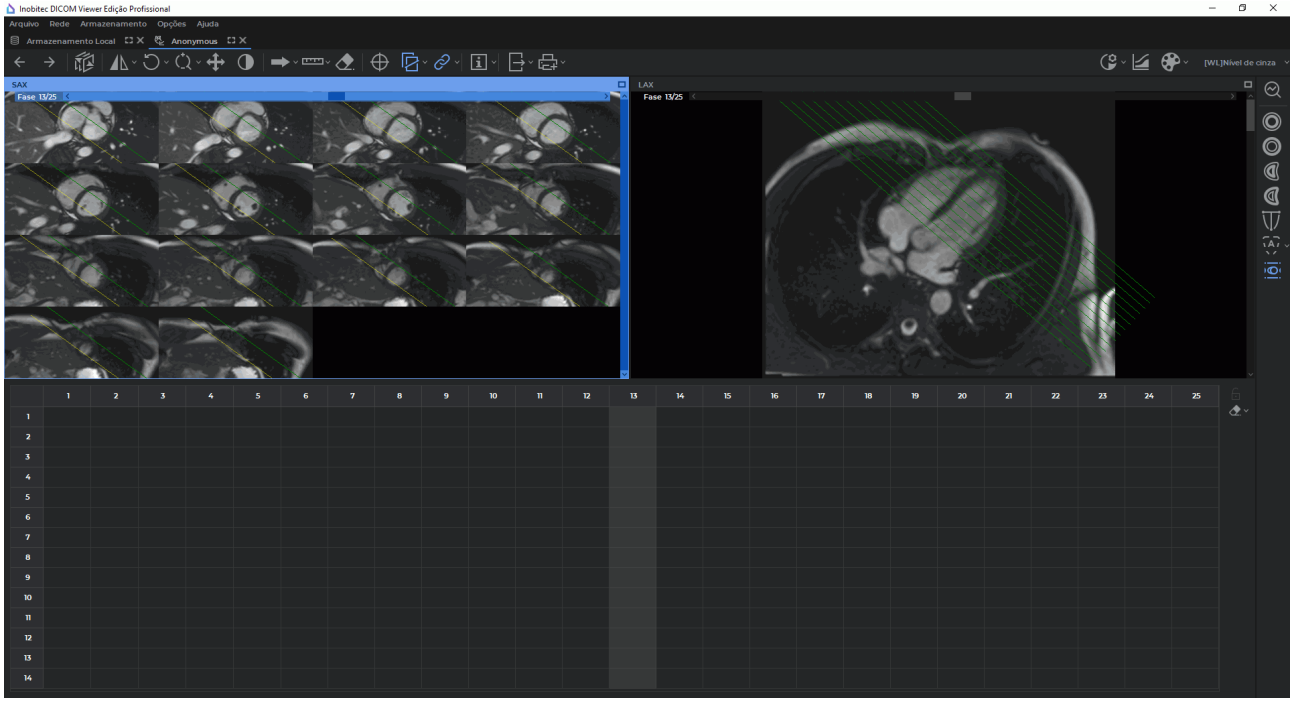


Figure 8.2: Separador «Análise cardíaca»

A janela SAX é definida para exibir todos os segmentos da fase atual por padrão. A alternância de fase é feita movendo o controle deslizante na barra de rolagem horizontal na parte superior da janela SAX ou no painel de contornos.

Para sair do modo de exibição de todos os segmentos da fase atual, clique com o botão direito do mouse na janela SAX e desative a opção **«Posicionamento com múltiplos SAX»** no menu de contexto. Por padrão, essa opção está ativada e destacada em azul no menu. A janela SAX na guia **«Análise cardíaca»** muda conforme mostrado na Fig. 8.3.

Nesse caso, a janela SAX exibe um único segmento da fase atual. A alternância do segmento é feita movendo o controle deslizante na barra de rolagem vertical na parte direita da janela SAX ou no painel de contornos.

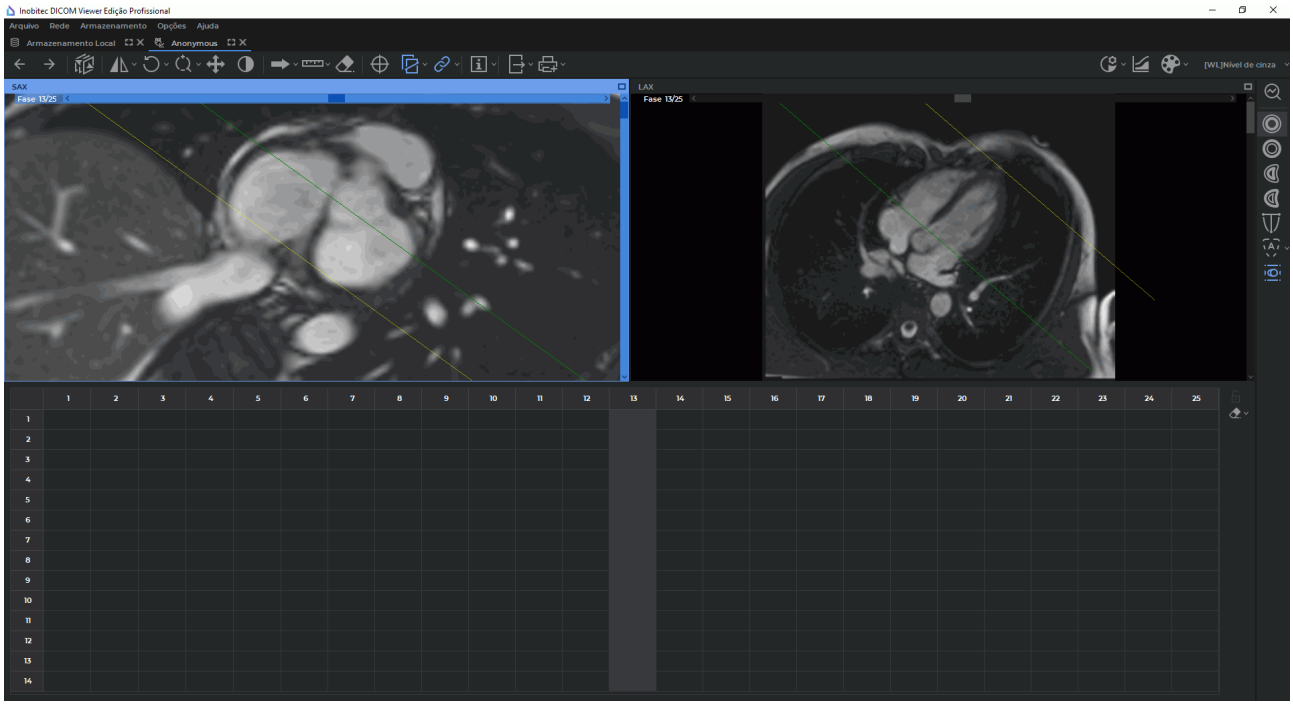


Figure 8.3: A opção **Posicionamento com múltiplos SAX** *está desativada*

Para retornar ao modo de exibição de todos os segmentos da fase atual, clique com o botão direito do mouse na janela SAX e selecione a opção **«Posicionamento com múltiplos SAX»** no menu de contexto.

Se apenas um segmento for exibido na janela SAX, a opção «Posicionamento com múltiplos SAX» não está disponível.

Na janela SAX, você pode otimizar o local das imagens da segmentação de dados depois que elas são movidas ou dimensionadas. Para fazer isso, clique com o botão direito do mouse na janela SAX e selecione a opção **«Aplicar conversão automática»** no menu de contexto. As imagens de segmentação de dados na janela SAX são colocadas de modo que o coração em cada imagem segmentada caiba na janela o máximo possível e o espaço livre seja minimizado.

A conversão ideal de imagens de segmentação de dados na janela SAX é aplicada automaticamente quando a aba «Análise cardíaca» é aberta.

8.1.2 Barra de ferramentas da análise cardíaca

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

A barra de ferramentas de análise cardíaca está localizada no lado direito do separador **«Análise cardíaca»** (Fig. 8.3).

Ferramentas:

	O botão **«Contorno Endocárdico do VE»** é utilizado para construir e editar manualmente o contorno interno do ventrículo esquerdo (o contorno é apresentado a vermelho)
	O botão **«Contorno epicárdico do VE»** destina-se à construção e edição manual do contorno externo do ventrículo esquerdo (o contorno é apresentado a amarelo)
	O botão **«Contorno Endocárdico do VD»** é utilizado para construir e editar manualmente o contorno interno do ventrículo direito (o contorno é apresentado a azul)
	O botão **«Contorno epicárdico do VD»** destina-se à construção e edição manual do contorno externo do ventrículo direito (o contorno é apresentado a azul)
	O botão **«Limites de extensão do VE»** é utilizado para definir manualmente os limites da extensão do ventrículo esquerdo no eixo longo (ver Secção 8.1.4)
	O botão **«Contorno automático»** ativa o processo de contorno automático, contorno do endocárdio e do epicárdio do ventrículo esquerdo do coração (ver Secção 8.1.5)
	O botão **«Painel de contornos»** expande/oculta o painel de contornos, onde pode navegar entre as imagens e gerir os contornos (ver secção 8.1.7)
	O botão **«Iniciar análise»** inicia o processo de análise e abre um painel com os resultados do cálculo de todos os parâmetros funcionais (ver Secção 8.1.8)
	O botão **«Editar»** fecha o painel de resultados e regressa às janelas com contornos construídos para editar os contornos

Os parâmetros funcionais dos ventrículos esquerdo e direito do coração são calculados a partir do conjunto de contornos construídos. Os contornos podem ser construídos separadamente para cada corte e cada fase na janela da série SAX. Os limites do contorno são exibidos em cortes na janela mesclada da série LAX como pontos. Se tiver criado dois ou mais contornos na mesma fase, os pontos podem ser conectados por segmentos. Desenho de não é possível desenhar contornos na janela de fusão de séries LAX.

Para facilitar o desenho de contornos, recomenda-se que se ative a visualização de projeções das linhas de corte na janela selecionada (ver Secção 2.26).

8.1.3 Contorno manual

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O contorno manual é efetuado com as seguintes ferramentas:

- **«Contorno Endocárdico do VE»** ;
- **«Contorno epicárdico do VE»** ;
- **«Contorno Endocárdico do VD»** ;
- **«Contorno epicárdico do VD»** .

A escolha do instrumento depende da área de interesse e da necessidade de obter determinados resultados da análise.

Para construir o contorno, siga os passos abaixo:

1. Abrir o estudo no separador **«Análise cardíaca»** (ver Secção 8.1.1).
2. Ativar uma das ferramentas de contorno com o botão esquerdo, direito ou médio do rato. Para trabalhar com a ferramenta, utilize o botão com que a ferramenta foi ativada. Para mais detalhes sobre a gestão de ferramentas, ver Secção 1.14. Desenhar o contorno de uma das formas seguintes:
   - **contorno manual**. Mantenha premido o botão do rato que foi utilizado para ativar a ferramenta. Com a ferramenta de contorno, desenhe um contorno à volta da área selecionada na janela com a série SAX. Solte o botão do rato para terminar a construção do contorno. Para cancelar a construção de um contorno inacabado, clique na tecla **«Esc»** do teclado sem soltar o botão do rato;
   - **construir com a ajuda da isoline**. Manter premida a tecla **«Shift»** e o botão do rato do que foi utilizado para ativar a ferramenta, mover o cursor sobre a área selecionada. É apresentada uma isolinha por baixo do cursor. A isolinha é exibida apenas em cortes nos quais o contorno é possível. Para criar um contorno baseado em uma isolinha, solte o botão do mousse que foi usado para ativar a ferramenta.
3. Passe para a fatia seguinte e trace o contorno da área pretendida.
4. Quando tiver terminado de desenhar os contornos nas áreas de interesse, clique no botão **«Iniciar análise»** para aceder aos resultados do cálculo dos parâmetros (ver Secção 8.1.8).

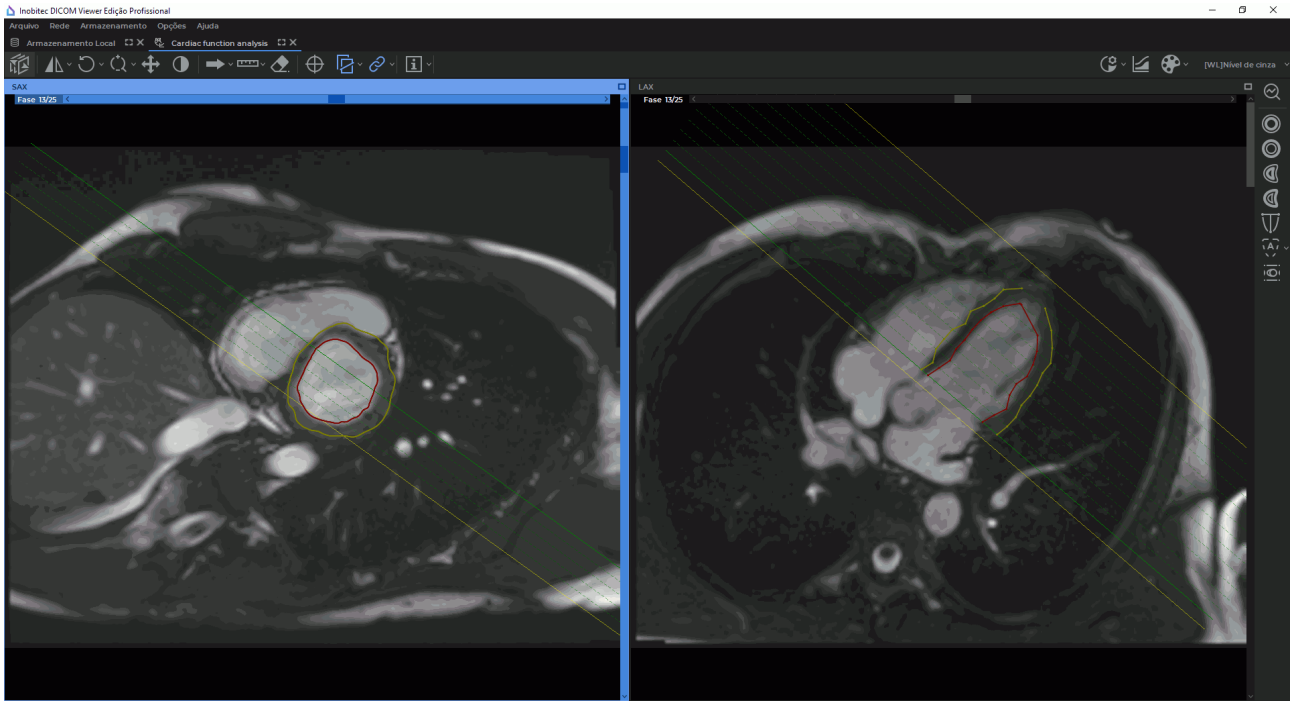


Figure 8.4: Contornos epicárdicos e endocárdicos do ventrículo esquerdo são exibidos na janela SAX, limites de contorno em cortes — na janela LAX

Se o corte atual tiver um contorno construído com a ferramenta atual, não é possível construir um novo contorno. Neste caso, só é possível editar ou apagar o contorno (ver secçã 8.1.6).

8.1.4 Determinar a extensão do ventrículo esquerdo do coração

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para determinar a extensão do ventrículo esquerdo, é necessário que o separador **«Análise cardíaca»** para carregar as séries combinadas SAX e LAX (ver Secção 8.1.1).

Para determinar a extensão do ventrículo esquerdo do coração, proceder da seguinte forma passos:

1. Abrir o estudo no separador **«Análise cardíaca»** (ver Secção 8.1.1).

2. Ativar a ferramenta **«Limites de extensão do VE»** com o botão esquerdo, direito ou central do rato. Para trabalhar com a ferramenta, utilizar o botão que foi utilizado para ativar a ferramenta. Para mais informações sobre como utilizar as ferramentas, ver Secção 1.14.

3. Na janela com as séries SAX fundidas, selecione o corte correspondente ao plano superior da válvula mitral e superior da válvula mitral e defina o ponto no centro da válvula mitral.

4. Mude para o corte correspondente ao ápice do ventrículo esquerdo e defina o ponto no centro do ventrículo esquerdo.

Quando move o cursor sobre os pontos definidos na janela de séries fundidas SAX é apresentada uma dica de ferramenta para indicar o tipo de ponto *Mitral* ou *Apex*.

Na janela de séries combinadas (LAX), a extensão do ventrículo esquerdo é apresentada como uma linha (Fig. 8.5).

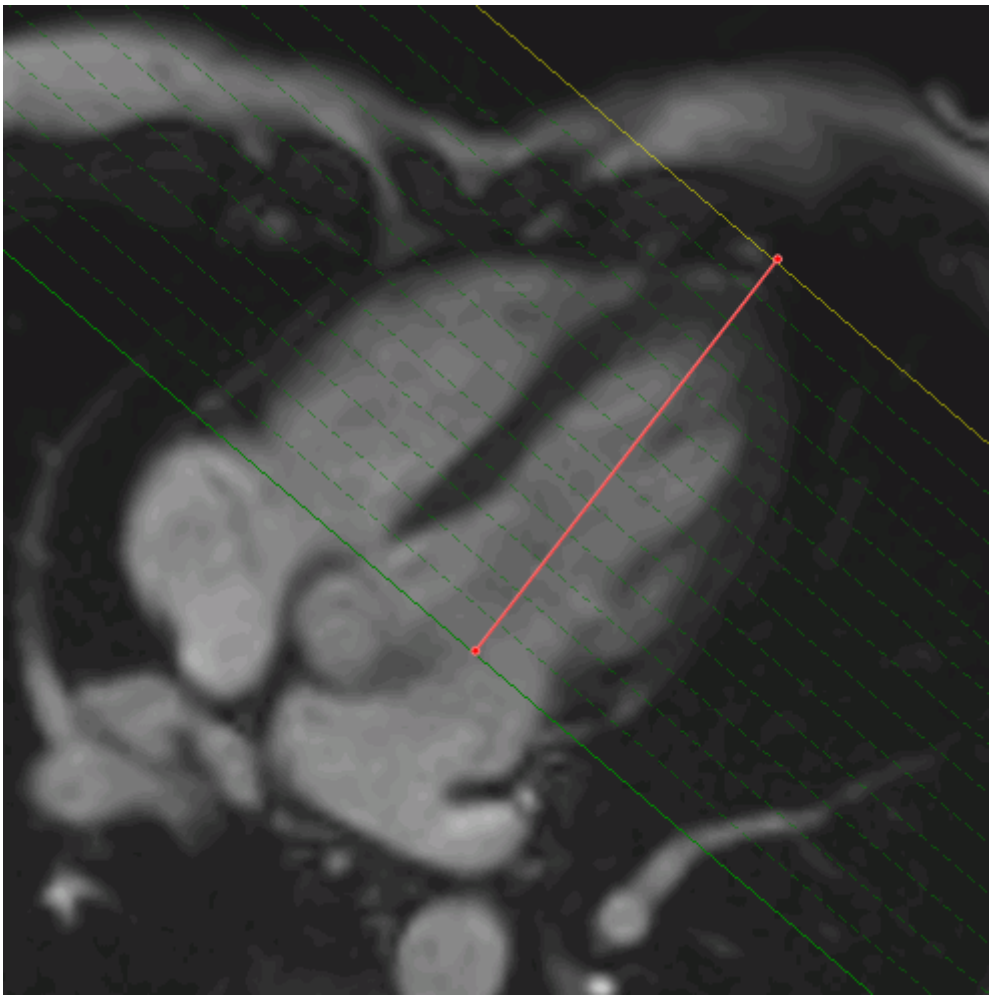


Figure 8.5: Extensão cardíaca do ventrículo esquerdo em janela com série fundida LAX

Em séries multifásicas, a extensão do ventrículo esquerdo pode ser determinada para cada fase.

8.1.5 Construção automática dos contornos endocárdicos e epicárdicos do ventrículo esquerdo do coração

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Na aba **«Análise cardíaca»**, existem duas opções para fazer um contorno automático:

- desenhar contornos na janela SAX em segmentos de fases selecionadas;
- desenhar contornos na janela SAX em segmentos de todas as fases.

Para construir automaticamente os contornos do endocárdio e do epicárdio do ventrículo esquerdo do coração nos segmentos das fases selecionadas, execute o seguinte:

1. Abrir o estudo no separador **«Análise cardíaca»** (ver Secção 8.1.1).
2. Determine o comprimento do ventrículo esquerdo do coração (ver Seção 8.1.4) para as fases em que os contornos devem ser traçados.
3. Clicar no botão **«Contorno automático»** na barra de ferramentas da análise cardíaca.

O contorno automático dos contornos endocárdicos e epicárdicos do ventrículo esquerdo do coração do ventrículo esquerdo do coração é efectuado numa janela com uma série SAX fundida em todas as fases em que existe uma extensão do ventrículo esquerdo e em todos os cortes que estão incluídos na extensão. Os limites do contorno são apresentados em cortes na janela da série LAX fundida (Fig. 8.6).

Para construir automaticamente os contornos do endocárdio e do epicárdio do ventrículo esquerdo do coração em segmentos de todas as fases, execute o seguinte:

1. Abrir o estudo no separador **«Análise cardíaca»** (ver Secção 8.1.1).
2. Determinar a extensão do ventrículo esquerdo do coração (ver Secção 8.1.4) durante as fases de relaxamento «End Diastole (ED)») e da contração «End Systole (ES)».

   Se o número de fases em que o comprimento do ventrículo esquerdo do coração é determinado não for dois, o contorno automático para todas as fases não é possível. Nesse caso, uma janela de aviso é exibida.

3. Clicar na seta do lado direito do **«Contorno automático»** e selecionar o comando **«Build all contours based on two phases»**. O processo de construção de contornos pode levar algum tempo.

   Se você optar por construção automática de contornos para todas as fases, todos os contornos do ventrículo esquerdo desenhados anteriormente serão removidos.

A construção automática de contornos do endocárdio e epicárdio do ventrículo esquerdo do coração é realizada em uma janela com uma série SAX combinada em todas as fases. Os limites do contorno são apresentados em cortes na janela da série LAX fundida (Fig. 8.6).

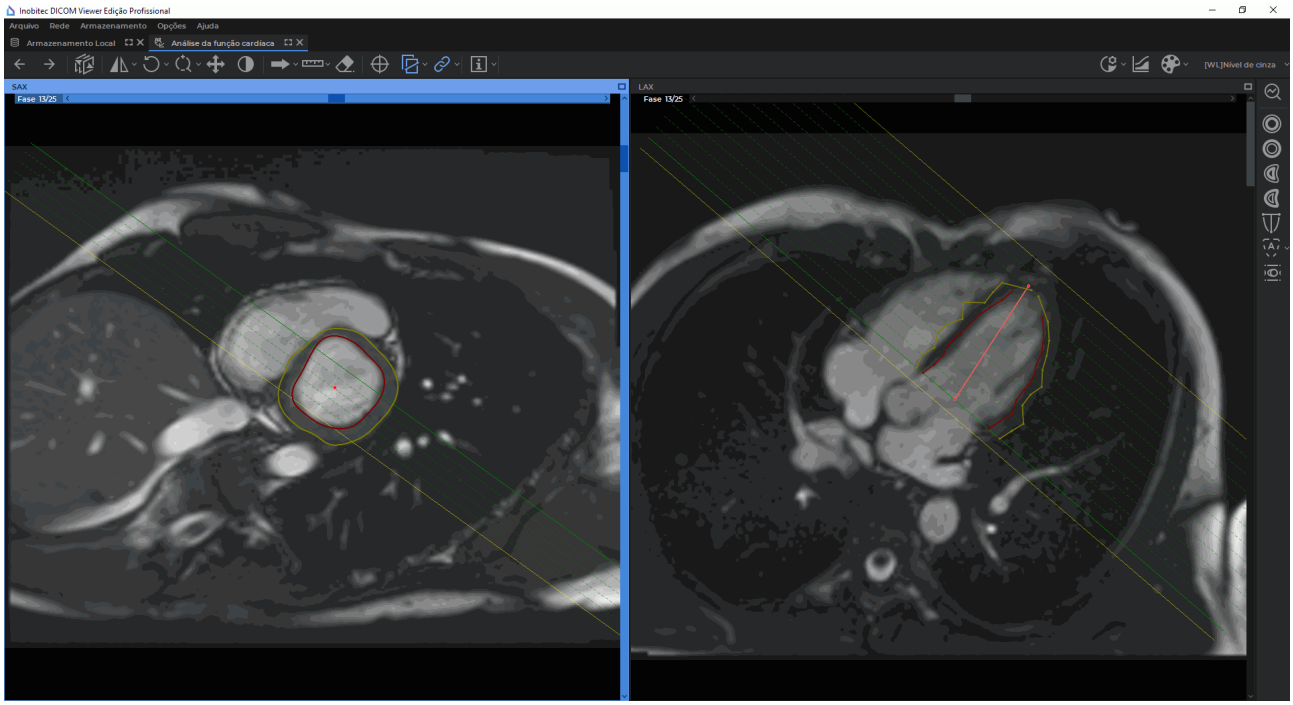


Figure 8.6: Contorno automático do ventrículo esquerdo

Atenção! Se, numa fatia da válvula mitral, existir uma parte do átrio, esta pode ser capturada durante o contorno.

Para reconstruir novamente todos os contornos, clicar na seta do lado direito do **«Contorno automático»** e selecionar o comando **«Reconstruir contornos»**.

Quando se desenham contornos automaticamente, é possível que o contorno capture tecidos por engano. Verificar se os contornos foram desenhados corretamente e, se necessário, editar os contornos manualmente.

Para passar para os resultados do cálculo dos parâmetros funcionais, clicar no botão **«Iniciar análise»** (ver Secção 8.1.8).

8.1.6 Ações com contornos

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O DICOM Viewer permite-lhe executar as seguintes acções com contornos na janela SAX:

- **edição**. Mova o cursor sobre o contorno selecionado. Quando se move o cursor a linha de contorno é realçada. Clique com o botão do rato no local onde pretende e mantenha premido o botão do rato para desenhar uma nova trajetória do contorno. Para terminar a edição do contorno, solte o botão do rato;
- **apagar um contorno**. Mova o cursor sobre a linha de contorno, prima o botão direito do rato premir o botão direito do rato e selecionar **«Remover contorno»** no menu de contexto;
- **remoção de pontos para determinar a extensão dos limites**. Mova o cursor sobre um dos pontos. Quando move o cursor, o ponto é realçado. Prima o botão direito do rato e selecion **«Remover os limites de extensão»** no menu de contexto.

A remoção de contornos e limites da extensão do ventrículo esquerdo também está disponível no painel de contornos (ver Secção 8.1.7).

8.1.7 Painel de contornos

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O painel Contours (Fig. 8.7) é expandido/ocultado com o botão **«Painel de contornos»** na barra de ferramentas da análise cardíaca. Por defeito, o painel é expandido.

Figure 8.7: Painel de contornos

O painel de contornos permite-lhe navegar entre imagens e gerir contornos. O painel de contornos é concebido como uma tabela de conjugação de fases e cortes. O cabeçalho da

coluna mostra o número da fase e o cabeçalho da linha mostra o número do corte. As células exibem informações sobre os contornos nas imagens e a extensão das bordas do ventrículo esquerdo na imagem, das bordas do ventrículo esquerdo sob a forma de símbolos:

- contorno Endocárdico do VE — ● ;
- contorno epicárdico do VE — ◯ ;
- contorno Endocárdico do VD — ◖ ;
- contorno epicárdico do VD — ☾ ;
- passagem dos limites da extensão do VE através do corte — ● .

Para mudar para o corte selecionado e para a imagem de fase na janela SAX, clique com o botão esquerdo do rato na célula correspondente. A célula correspondente à imagem na janela SAX.

O DICOM Viewer permite que você execute as seguintes ações com contornos:

- **Eliminar um contorno no corte selecionado.** Clique com o botão direito do rato no corte selecionado e, no menu de contexto, selecione:
  - **«Remover o contorno endocárdico do LV (<número de corte; número de fase>)»**;
  - **«Remover o contorno epicárdico do LV (<número de corte; número de fase>)»**;
  - **«Eliminar o contorno endocárdico do RV (<número de corte; número de fase>)»**;
  - **«Eliminar o contorno epicárdico do RV (<número de corte; número de fase>)»**.
- **Remova os contornos do mesmo tipo em todas as imagens da fase selecionada.** Clique no botão direito do rato no título da coluna (número da fase) e no menu de contexto selecione:
  - **«Eliminar os contornos endocárdio do LV (<número de fase>)»**;
  - **«Remoção dos contornos epicárdicos do LV (<número de fase»)»**;
  - **«Eliminar os contornos endocárdicos do RV (<número de fase>)»**;
  - **«Remover os contornos epicárdicos do RV (<número de fase>)»**.

  Na caixa de diálogo de confirmação, prima **«SIM»** para apagar todos os contornos ou **«NÃO»** para cancelar a eliminação.
- **Eliminar contornos do mesmo tipo em todas as imagens do corte selecionado.** Clique no botão direito do rato no cabeçalho da linha (número do corte) e no menu de contexto selecione:
  - **«Remover os contornos endocárdicos do LV (<número de corte>)»**;
  - **«Remover os contornos epicárdicos do LV (<número de corte>)»**;
  - **«Remoção dos contornos endocárdicos do RV (<número de corte>)»**;
  - **«Remoção dos contornos do epicárdio do RV (<número de corte>)»**.

Na caixa de diálogo de confirmação, prima **«SIM»** para remover todos os contornos ou **«NÃO»** para cancelar a remoção.

- **Apagar todos os contornos do mesmo tipo.** Clicar na seta do lado direito do botão **«Remover todos os contornos cardíacos»** permite selecionar os contornos a eliminar em todas as secções e fases. Na caixa de diálogo de confirmação prima **«SIM»** para eliminar todos os contornos ou **«NÃO»** para cancelar a eliminação. O tipo de contorno selecionado é eliminado de todos os cortes e fases na janela SAX.

- **Apagar todos os contornos.** Para eliminar todos os contornos, clique no botão **«Remover todos os contornos cardíacos»** . Na caixa de diálogo de confirmação prima **«SIM»** para apagar todos os contornos, ou **«NÃO»** para cancelar a eliminação. Todos os contornos em todos os todos os cortes na janela de séries combinadas SAX são eliminados.

- **Remoção dos limites da extensão do ventrículo esquerdo na fase selecionada.** Clicar com o botão direito do rato no cabeçalho da coluna (número da fase) e no menu de contexto selecionar: **«Remoção dos contornos da extensão do LV (<número de fase>)»**.

O programa detecta e realça automaticamente as fases finais com o maior e o menor tamanho da cavidade ventricular durante o relaxamento (diástole) e a contração (sístole). A fase final da contração (ES) é realçada a verde. A fase final de relaxamento (ED) está realçada a vermelho.

Para bloquear as fases finais, clique no botão **«Bloqueio das fases terminais»** no painel de contorno. Depois de bloquear as fases finais, o botão terá o seguinte aspeto . Neste caso, a deteção automática das fases finais depois de criar, editar e apagar contornos não está disponível. Para ativar a deteção automática de fases finais, clique novamente no botão **«Desbloquear as fases terminais»** no painel de contornos. O botão de bloqueio das fases finais assume a forma .

O utilizador pode definir e bloquear manualmente a fase final selecionada como ES ou ED. Para o fazer, clicar com o botão direito do rato no cabeçalho da coluna (número da fase) e clicar no menu de contexto, e selecionar **«Definir a fase de <número de fase> como ES»** ou **«Definir a fase de <número de fase> como ED»**.

8.1.8 Avaliação dos parâmetros funcionais cardíacos

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para avaliar os parâmetros funcionais do coração, proceda da seguinte forma passos:

1. Abrir o estudo no separador **«Análise cardíaca»** (ver Secção 8.1.1).

2. Construir os conjuntos de contornos necessários no modo manual e/ou automático (ver Secção 8.1.3 e 8.1.5).

3. Clicar no botão **«Iniciar análise»** na barra de ferramentas da análise cardíaca.

Os resultados da análise dos parâmetros funcionais cardíacos e das informações do paciente são apresentados numa tabela. São avaliados os seguintes parâmetros principais função ventricular esquerda e direita:

- **EDV** (end diastolic volume) — valor do maior tamanho da cavidade ventricular durante o relaxamento (diástole). É medido em *ml*. Para estimar o parâmetro é necessário construção de contornos endocárdicos;
- **ESV** (end systolic volume) — valor do menor tamanho da cavidade ventricular durante a contração (sístole). É medido em *ml*. Para estimar o parâmetro é necessário construção de contornos endocárdicos;
- **SV** (stroke volume) — é o volume de sangue movimentado durante um único batimento cardíaco. É medido em *ml* e é determinado pela fórmula: **SV** = **EDV — ESV**. Para estimar o parâmetro, é necessário construir contornos endocárdicos;
- **EF** (ejection fraction) — a porcentagem da quantidade de sangue que é movida por contração do coração. É determinado pela fórmula: **EF** = **SV/EDV**. . Para estimar o parâmetro parâmetro é necessário construir contornos endocárdicos;
- **CO** (cardiac output) — volume de sangue bombeado em 1 minuto. É medido em *l/min*. É determinado pela fórmula: **CO** = **SV** * **frequência cardíaca**. Para são necessários os contornos endocárdicos e a frequência cardíaca para estimar o parâmetro;
- **CI** (cardiac index) — índice de débito cardíaco normalizado em relação à área de superfície corporal (BSA). É medida em $\frac{l}{(m^2 * min)}$ e é determinado pela fórmula: **CI** = **CO/BSA**. O valor da área de superfície corporal (BSA) é calculado pela fórmula: $BSA = 0.007184 * W^{0.425} * H^{0.725}$, onde W é o peso do paciente em quilogramas e H é a altura em centímetros. O traçado do contorno endocárdico é necessário para estimar o parâmetro, altura e peso do doente;
- A **massa do miocárdio** (myocardial mass) representa a diferença entre os volumes epicárdico e endocárdico durante as fases de relaxamento e contração da End Diastole (ED) e da End Systole (ES), multiplicada por um fator de 1,05. É medido em *g*. Para estimar o parâmetro, é necessário construir os parâmetros do endocárdio e do epicárdio nas fases de relaxamento (ED) e contração (ES).

Os resultados das análises dos parâmetros da função cardíaca podem ser copiados para a área de transferência e depois colados no editor de protocolos (ver Capítulo 18) ou em qualquer editor de texto. Para copiar os resultados das análises dos parâmetros da função cardíaca para a área de transferência, clicar no botão **«Exportar para a área de transferência»**.

O plano de coordenadas (Fig. 8.8) apresenta os parâmetros funcionais do coração em forma de gráficos para todas as fases. O eixo das abcissas mostra o tempo da fase em milissegundos, no eixo das ordenadas — o volume de sangue em mililitros.

Atenção! Os gráficos são representados num conjunto de contornos construídos para cada corte de cada fase na janela com a série SAX.

No plano de coordenadas, os parâmetros funcionais do coração são apresentados em forma de gráficos:

- volume endocárdico do ventrículo esquerdo **«Sangue do VE»** (gráfico a vermelho);
- volume miocárdico do ventrículo esquerdo **«Miocárdio do VE»** (gráfico a amarelo);
- volume endocárdico do ventrículo direito **«Sangue do VD»** (gráfico em azul);
- volume miocárdico do ventrículo direito **«Miocárdio do VD»** (gráfico azul).

Os resultados das medições são apresentados na tabela à direita do plano de coordenadas. Os valores dos parâmetros reflectem os resultados das medições no ponto atual.

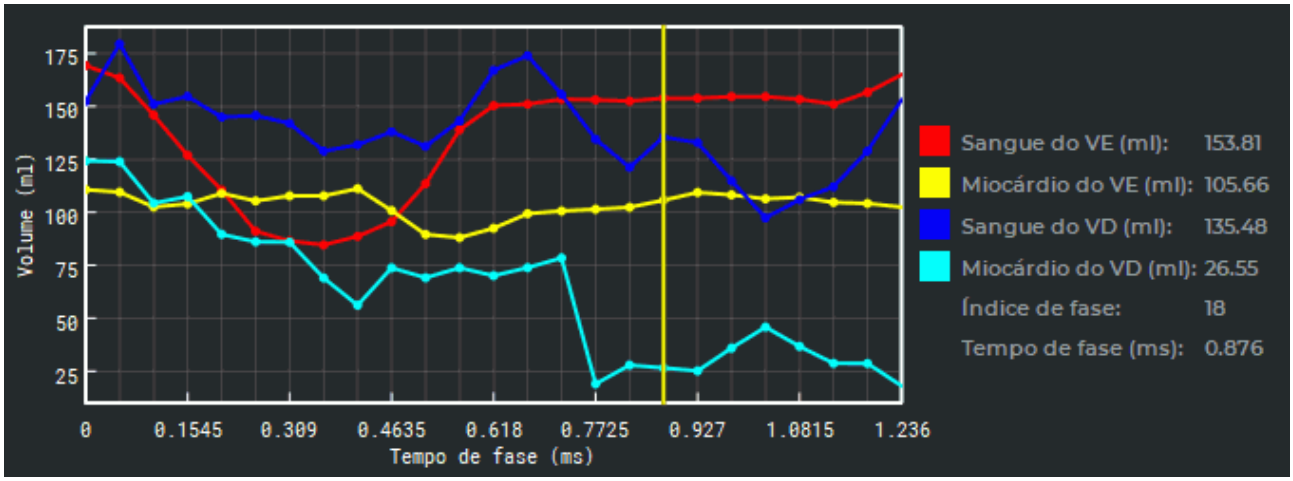


Figure 8.8: Apresentação dos parâmetros da função cardíaca em gráficos

A posição da fase atual é apresentada como um cursor de cor amarela.Para alterar a fase atual no gráfico, mova o cursor sobre o cursor para que este se assemelhe ↔ , a um e, mantendo premido o botão esquerdo do rato, mova o cursor da esquerda para a direita. Ao mover o seletor no gráfico, a fase atual na janela com a série SAX fundida muda de forma sincronizada. A alteração da fase atual altera os resultados na tabela junto aos gráficos.

Para mover o gráfico ao longo do eixo vertical, mova o rato para cima e para baixo com o botão esquerdo premido enquanto mantém premida a tecla **Shift** no teclado. Para alterar a escala do gráfico, mova o rato para cima e para baixo com o botão esquerdo premido enquanto mantém premida a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) no seu teclado.

Para alterar as informações do paciente, clique em **«Editar as informações do paciente»** e editar os dados na caixa de diálogo (Fig. 8.9). Clique em **«OK»**, para aplicar os novos dados do paciente ou **«CANCELAR»** para cancelar. Depois de premir o botão **«OK»**, os resultados da análise da função cardíaca são recalculados.

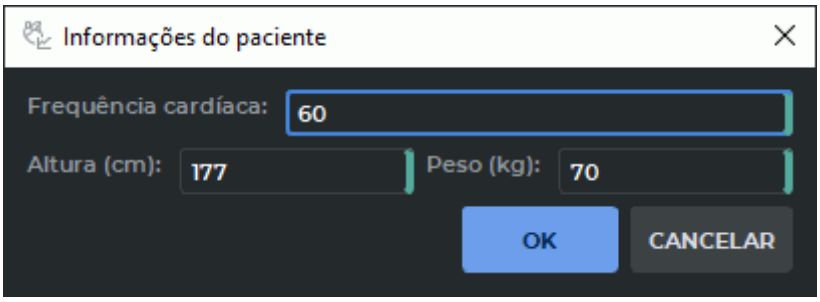


Figure 8.9: Diálogo para editar as informações do paciente

Para voltar ao modo de desenho e edição do contorno, clique no botão **«Editar»** .

8.2 Modo «Análise T1»

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

8.2.1 Abertura do estudo para análise T1

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para abrir um estudo para avaliação quantitativa do tempo de relaxamento T1 de tecidos cardíacos, complete os passos seguintes:

1. Selecione um estudo e destaque nele as séries de modalidades **«MR»** com base nas quais será realizada avaliação o tempo de relaxamento de tecidos cardíacos.

2. Clique no botão **«Análise cardíaca»** na painel de ferramentas. Para selecionar a opção desejada de posicionamento do separador (na janela atual, em uma janela separada ou em modo de tela cheia), clique na seta no botão. Para abrir a janela de análise cardíaca em um novo separador na janela atual, clique no botão. O processo pode levar algum tempo.

   A ferramenta **«Análise cardíaca»** também está disponível na secção **«Exibir»** do menu principal.

3. Quando é ativado o módulo de análise cardíaca, é exibida a caixa de diálogo **«Dados de entrada para análise cardíaca»** (Fig. 8.10). Na lista pendente selecione o modo **«Análise T1»**.

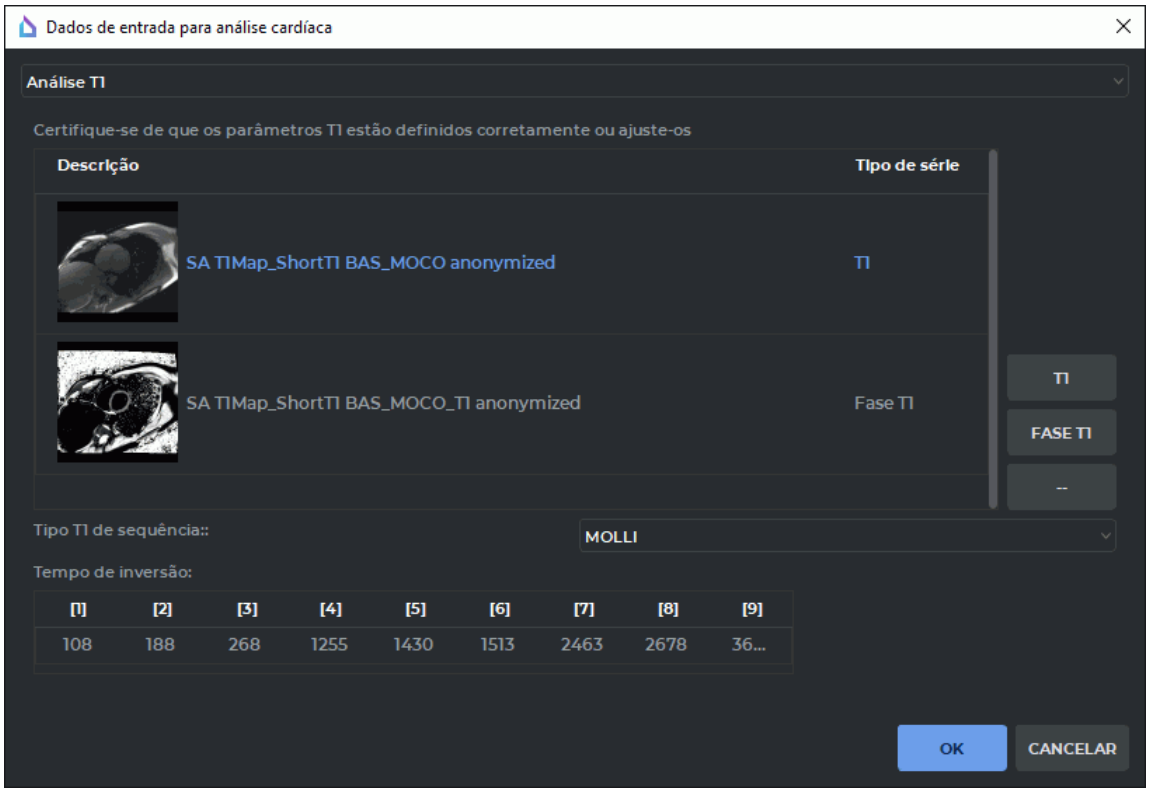


Figure 8.10: Caixa de diálogo de dados de entrada para avaliação do tempo de relaxamento do tecido

4. Na lista pendente selecione um tipo de sequência T1:
   - **«MOLLI»**;
   - **«ShMOLLI»**;
   - **«SASHA»**.
5. Selecione a série com base na qual será construído o mapa T1. Para o efeito, selecione a série na lista e clique no botão **«Definir como T1»**.
6. Para sequências **MOLLI** e **ShMOLLI**, pode-se selecionar adicionalmente uma série a ser usada como a fase do sinal. Para o efeito, selecione a série na lista e clique em **«Definir como a fáse de sinal T1»**.

   Para a sequência T1 SASHA, a escolha da série como fase do sinal não está disponível.

   Para redefinir o tipo de série, destaque-a na lista e clique no botão **«Repor o tipo de série» —** .
7. Para a sequência T1 **SASHA**, é utilizado um método de saturação, com o qual se coleta uma série de imagens com tempos diferentes depois do impulso de saturação. Isso permite construir uma curva de recuperação de sinal, a partir da qual T1 é calculado por píxel. Na lista pendente selecione um dos modelos de ajuste:

- **«Modelo de dois parâmetros»**. Um modelo simplificado menos sensível ao ruído que pressupõe saturação perfeita, mas pode subestimar T1 em 10–20% com um impulso não ideal;
- **«Modelo de três parâmetros»**. Oferece maior precisão independentemente da saturação não ideal, mas requer uma série com um número maior de imagens (8-11) para estabilidade.

8. Na parte inferior da caixa de diálogo **«Dados de entrada para análise cardíaca»** está uma tabela que contém os valores de tempo para cada imagem da série T1. Os valores de tempo são especificados nas tags da série. A tabela exibe:

   - **«Tempo de inversão (TI)»** para sequências MOLLI e ShMOLLI;
   - **«Tempo de saturação (TS)»** para a sequência SASHA.

   Redija esses valores se necessário.

Clique em **«OK»** para confirmar a entrada de dados ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

Se o botão **«OK»** na caixa de diálogo **«Dados de entrada para análise cardíaca»** não está disponível, para continuar, certifique-se de que:

- série T1 foi selecionada;
- o tipo de sequência foi selecionado;
- o número de imagens na série T1 para as sequências MOLLI e SASHA é de pelo menos 3, e para a sequência ShMOLLI equivale a 7.

Na aba **«Análise cardíaca»** abre-se a janela **«T1»** com o mapa T1 construído com base na série selecionada, e a janela **«Fase T1»** com a série definida como a fase de sinal (Fig. 8.11).

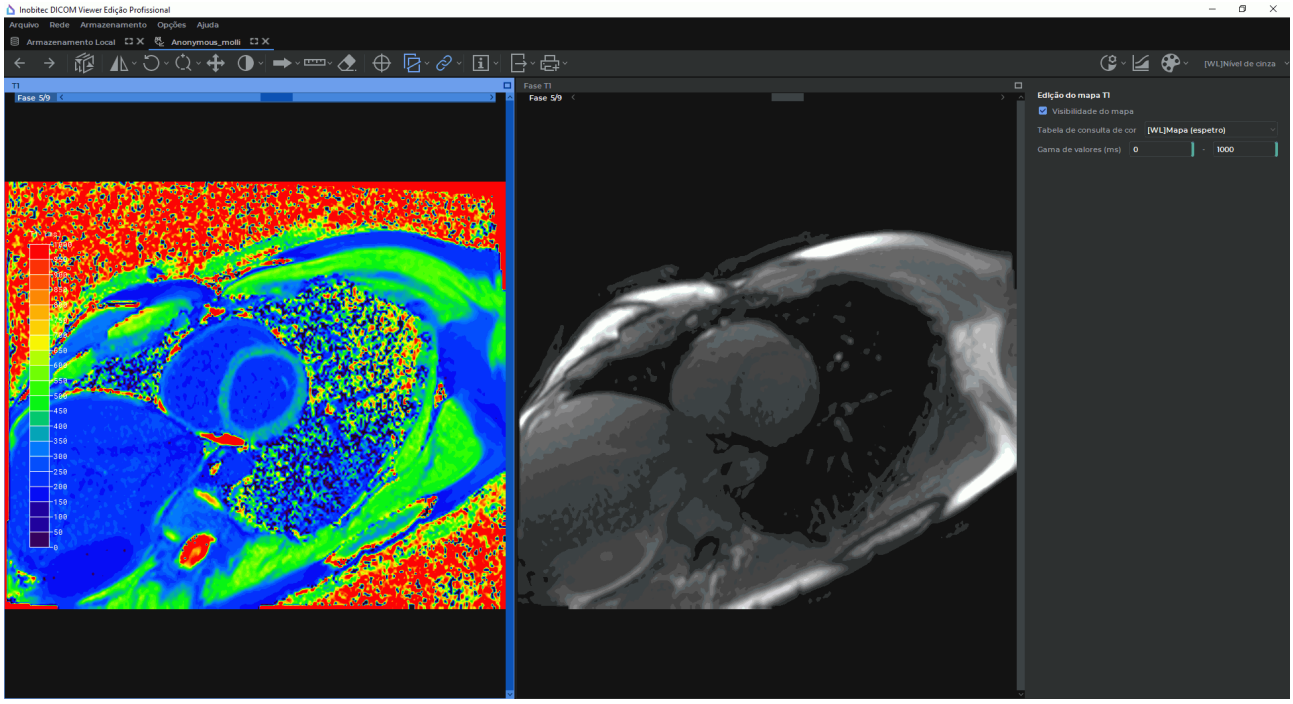


Figure 8.11: A aba «Análise cardíaca» no modo «Análise T1»

Para as sequências MOLLI e ShMOLLI não é obrigatório selecionar a série utilizada como a fase do sinal. Se a série utilizada como a fase do sinal não é adequada para acelerar o algoritmo de construção do mapa, aparece uma caixa de diálogo de aviso. Cálculos posteriores do mapa T1 são realizados sem a utilização desta série.

No lado direito da aba fica o painel de edição do mapa T1 (Fig. 8.12). Por padrão, o mapa T1 construído é exibido em cima da série. Para esconder o mapa, desmarque a caixa **«Visibilidade do mapa»**. Na lista pendente **«Tabela de consulta de cor»** selecione a tabela de cores que define o espectro do mapa. Determine os valores mínimo e máximo do tempo depois do impulso de saturação nos campos **«Gama de valores»**.

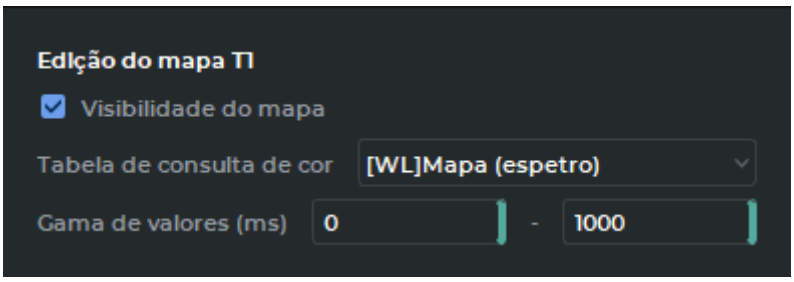


Figure 8.12: Painel de edição do mapa T1

Pode-se de medir o valor de intensidade em um mapa T1 de três maneiras:

- mova o cursor sobre o ponto selecionado no mapa. O valor de intensidade no ponto sob o cursor é exibido na segunda linha no canto inferior esquerdo da janela de visualização em que está localizado o cursor (para mais detalhes, consulte a Secção 2.27);
- meça o valor de intensidade no ponto selecionado no mapa utilizando a ferramenta **«Valor de ponto»** no painel de ferramentas (veja Secção 2.19.6);
- meça o valor médio da intensidade da área selecionada no mapa utilizando as ferramentas do grupo **«ROI ...»** (**«Retângulo»** , **«Elipse»** , **«Polígono»**) no painel de ferramentas (veja Secção 2.19.7).

8.3 Exportação de imagens

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

As imagens das janelas da aba **«Análise cardíaca»** podem ser exportadas para o estudo atual em uma nova série ou para um arquivo com a extensão *.png* ou *.jpg* para um diretório especificado (consulte a Seção 2.28).

A seguir estão as características da exportação de imagens no modo **«Análise da função»**.

Antes de exportar, desative a exibição de todos os segmentos da fase atual na janela SAX. Para fazer isso, clique com o botão direito do mouse na janela SAX e selecione a opção **«Posicionamento com múltiplos SAX»** no menu de contexto.

Uma imagem da segmentação de dados atual será exportada da janela SAX. Para exportar o segmento desejado na fase selecionada, selecione-o no painel de contornos ou mova os controles deslizantes nas barras de rolagem horizontal e vertical para que o segmento selecionada seja o segmento atual.

8.4 Impressão de imagem

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O DICOM Viewer permite imprimir imagens em papel e filme (consulte o Capítulo 19).

A seguir estão as características da impressão de imagens no modo **«Análise da função»**.

Se todos os segmentos da fase atual forem exibidos na janela SAX, as imagens de todos os segmentos da fase atual serão impressas. Para imprimir uma imagem do segmento selecionado, desative a exibição de todos os segmentos da fase atual na janela SAX e selecione o segmento desejado.

No modo «Captura de imagem», os contornos do coração e o comprimento das bordas do ventrículo esquerdo não são exibidos na janela de visualização.

Chapter 9

Análise PET

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

9.1 Abrindo uma análise na janela de análise PET

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para abrir uma análise na janela de **«Análise PET»** (Positron Emission Tomography), faça o seguinte:

1. Carregue as análises no DICOM Viewer.
2. Selecione uma análise que contenha pelo menos uma série de CT e PET.
3. Selecione uma série CT e uma série PET clicando com o botão esquerdo do mouse enquanto -mantém pressionada a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) no teclado.
4. Clique no botão **«Análise PET»** na barra de ferramentas. Para selecionar a opção de posicionamento da aba desejada (na janela atual, em uma janela separada, no modo tela cheia), clique na seta no botão. Para abrir a janela de análise PET em uma nova aba na janela atual, clique no lado esquerdo do botão **«Análise PET»**. O processo pode demorar algum tempo.
5. Seleccionar um modelo de layout de janela para exibir o número de séries necessárias secções 9.2.1 e 9.2.2).

O DICOM Viewer permite exibir imagens nos seguintes modos:

- MIP volumétrico (projeção de intensidade máxima) para uma série de PET (modo **«3D MIP»**)
- Série PET inicial (modo **«PET»**)
- Série CT inicial (modo **«CT»**)
- Série combinada de CT e PET (modo **«Fusão (PET+CT)»**). A imagem nesta janela é semelhante à imagem na janela de combinação de séries (cap. 4)

A janela de análise PET é mostrada na Fig. 9.1.

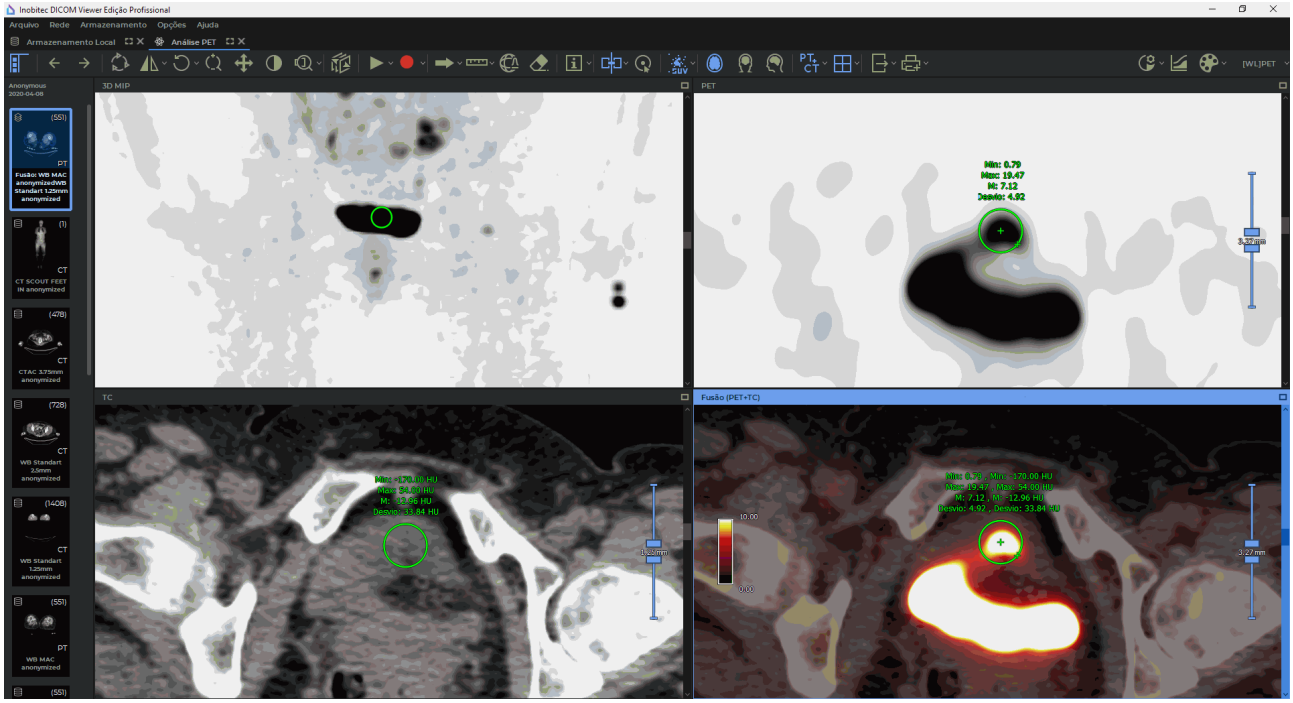


Figure 9.1: Janela de «Análise PET»

9.1.1 Combinando séries do mesmo estudo na aba de análise PET

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para combinar a série de um estudo, faça o seguinte:

1. Abrir o estudo no separador de análise PET (Seção 9.1).
2. Selecione a série desejada clicando com o botão esquerdo do mouse enquanto mantém pressionada a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) no teclado.

3. Arraste a série para a janela desejada na aba. Se for possível arrastar para dentro da janela, o cursor é tem a aparência . Se for impossível — , neste caso, selecione outra janela ou altere o modo de exibição na janela atual (Seção 9.2.1). Solte o botão do mouse. A série (série combinada) abre na janela correspondente.

4. Se necessário, repita os passos 2-3 para outras séries.

9.1.2 Combinando múltiplas séries de estud na aba de análise PET

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O DICOM Viewer permite abrir uma série de análises diferentes na aba de análise PET, por exemplo, para acompanhar a dinâmica das mudanças. Se os análises diferirem nos seguintes parâmetros:

- nome do paciente (não diferencia maiúsculas de minúsculas) (tag (0010,0010));
- ID do paciente (tag (0010,0020));
- sexo do paciente (tag (0010,0040));
- data de nascimento (marca (0010,0030)),

então considera-se que as análises são realizadas para pacientes diferentes e, ao tentar abri-las em uma aba, aparece um aviso **«Talvez você esteja tentando adicionar estudo do outro paciente. Deseja continuar?»**. Para adicionar uma análise, clique em **«SIM»**. Para cancelar a ação, clique em **«NÃO»**.

Para abrir uma série de várias análises ao mesmo tempo, faça o seguinte:

1. Abra a primeira série de análises na aba de análise PET.

2. Vá para a aba com a lista de análises, selecione o segunda análise.

3. Selecione a série desejada clicando com o botão esquerdo do mouse enquanto mantém pressionada a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) no teclado.

4. Mantendo pressionado o botão esquerdo do mouse, arraste a série para a lombada da aba **«Análise PET»** (indicada pelo quadro vermelho na Fig. 9.2), não solte o botão. A aba de análise PET é exibida acima das outras abas.

5. Arraste a série para a janela desejada na aba. Se for possível arrastar para dentro da janela, o cursor é tem a aparência . Se for impossível — ,neste caso, selecione outra janela ou altere o modo de exibição na janela atual (Seção 9.2.1). Solte o botão do mouse. A série (série combinada) abre na janela correspondente.

6. Se necessário, repita os passos 2-5 para outras séries.

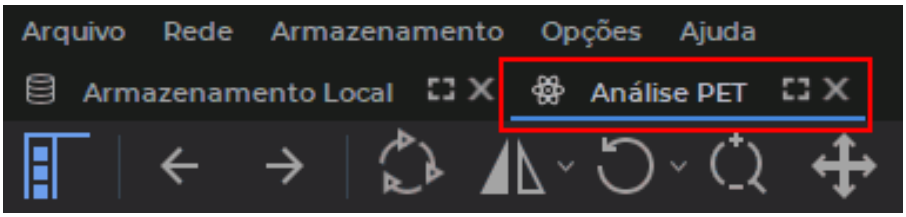


Figure 9.2: Botão da aba «Análise PET»

9.1.3 Visualização de imagens de séries no separador Análise PET

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

A visualização de imagens de séries no separador de análise PET é semelhante à visualização de séries no separador de imagens planas e é descrita na Secção 2.7.

9.2 Elementos da aba

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

9.2.1 Janelas na aba de análise PET

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Na janela de análise de PET, podem ser dispostas de uma a nove janelas de visualização de imagens:

- Uma janela;
- Duas janelas lado a lado;
- Grade 2x2;
- Grade 2x3;
- Grade 2x4;
- Grade 3x3.

O modo de janela é alterado usando o botão na barra de ferramentas. Dependendo do modo atual, o botão tem uma aparência diferente:

3D MIP	Modo **«3D MIP»**. O modo pode ser mudado para «Mono-PET»
PT	Modo **«Mono-PET»**. O modo pode ser mudado para «3D MIP»
CT	Modo **«Mono-CT»**
PT+ CT	Modo **«Fusão (PET+CT)»**. O modo pode ser alternado para «Mono-CT» e «Mono-PET»

Para alternar o modo, ative a janela desejada clicando com o botão esquerdo do mouse nela, pressione o botão de seleção de modo e selecione o modo desejado no menu de botões. O modo atual é destacado em azul no menu. A configuração de um modelo para cada um dos modos é descrita na Seção 9.2.2.

Do lado esquerdo está o painel «Lista de séries», que exibe todas as séries desta análise. Para abrir a série desejada na janela Análise PET, arraste-a para a janela apropriada. Apenas séries de modalidade PET podem ser arrastadas para a janela MIP, PET, CT ou séries combinadas.

Para expandir qualquer uma das janelas para a tela inteira e restaurar seu tamanho, clique duas vezes com o botão esquerdo do mouse dentro da janela. Neste caso, nenhuma das ferramentas de medição, ferramentas de anotação gráfica e a «Lupa» devem estar ativadas com o botão esquerdo do mouse.

9.2.2 Definir modelos de posicionamento de janela na aba de análise PET

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para definir modelos de posicionamento de janela, clique no botão de modo (no dependendo do modo selecionado tem a forma , , , , ou) e selecione o comando **«Configurações...»**. A caixa de diálogo mostrada na Fig. 9.3.

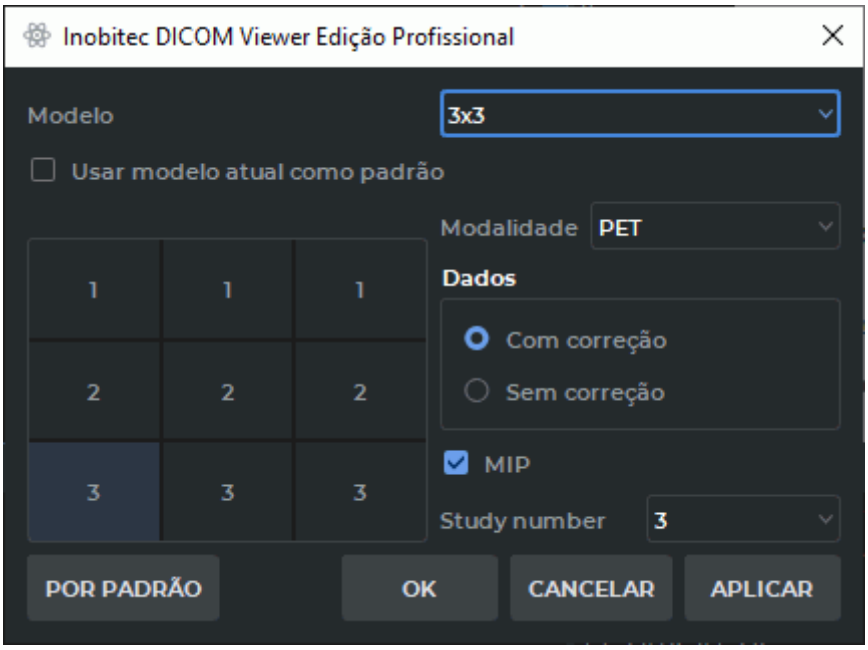


Figure 9.3: Caixa de diálogo para definir os modelos de arranjo de janelas

Selecione o modelo que deseja personalizar na lista suspensa («Um», «2 horizontalmente», «2x2», «2x3», «2x4» ou «3x3»).

Para usar este modelo ao abrir uma aba, defina a opção **«Usar modelo atual como padrão»**.

Para configurar uma janela de modelo específica, selecione esta janela com o mouse no diagrama, a janela é destacada (na Fig. 9.3 a janela inferior esquerda é selecionada). Faça o seguinte:

1. Selecione uma modalidade na lista pendente (**«Não especificado»**, **«CT»**, **«PET»** ou **«PET+CT»**). Se a opção **«Não especificado»** for selecionada, a célula permanecerá vazia.

2. Se está escolhida a modalidade **«PET»**, especifique quais séries de PET devem se abrir na janela: corrigidas ou não corrigidas. Para o efeito, deslize o interruptor **«Dados»** na posição **«Com correção»** ou **«Sem correção»**. Por padrão, interruptor está definido para **«Sem correção»**.

3. Para uma série PET, marque a opção **«Renderização MIP»** para exibir a projeção de intensidade máxima.

4. Na lista pendente escolha o número do estudo. A definição do número do estudo só está disponível para janelas com a modalidade selecionada. O número máximo do estudo corresponde ao número de janelas no grade atual. Por exemplo, no grade «3x3», esse valor é de 9.

Para restaurar as configurações padrão do modelo atual, clique no botão **«POR PADRÃO»**. Na caixa de diálogo de confirmação, clique em **«SIM»** para restaurar as configurações ou em **«NÃO»** para cancelar a ação. Por padrão, as seguintes configurações de modelo são definidas:

1. Modelo **«Um»**: a Fusão (PET+CT).
2. Modelo **«2 horizontalmente»**: na janela da esquerda 3D MIP para a série PET corrigida, na janela da direita Fusão (PET+CT).
3. Modelo **«2x2»**: da esquerda para a direita de cima para baixo: 3D MIP para série PET corrigida, série PET corrigida, série CT, Fusão (PET+CT).
4. Modelo **«2x3»**: da esquerda para a direita de cima para baixo: 3D MIP para série PET corrigida, série PET corrigida, série CT, Fusão (PET+CT), as duas janelas restantes estão vazias.
5. Modelo **«2x4»**: na linha superior, as séries do primeiro estudo são exibidas em janelas (da esquerda para a direita): 3D MIP para série PET corrigida , série PET corrigida, série CT, Fusão (PET+CT). Nas janelas da linha inferior, as séries do segundo estudo são exibidas. A disposição das janelas na linha inferior é a mesma que na linha superior.
6. Modelo **«3x3»**: na linha superior, as séries do primeiro estudo são exibidas em janelas (da esquerda para a direita): 3D para série PET corrigida, série PET corrigida, Fusão (PET+CT). Nas janelas da segunda e terceira linhas, as séries do segundo e terceiro estudos são exibidas, respectivamente. A disposição das janelas na segunda e terceira linhas é a mesma que linha superior.

Clique em **«OK»** para aplicar as configurações e fechar a caixa de diálogo, ou em **«CANCELAR»** para cancelar a ação. Para salvar as alterações feitas, mantendo a caixa de diálogo aberta (por exemplo, para continuar configurando), clique no botão **«APLICAR»**.

A alteração do modelo não afeta as abas que já estão abertas.

Em janelas vazias, os parâmetros das séries são exibidos, especificados para cada janela no âmbito do modelo atual.

Séries adequadas do segundo e subsequentes estudos são abertas nas janelas da aba de acordo com as configurações do modelo de layout das janelas definidas pelo usuário. Uma série é considerada adequada para uma janela se atender às configurações de janela dentro do grade atual de localização.

9.3 Modo MIP

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O DICOM Viewer permite alterar a espessura da seção para imagens planas, ou seja, as imagens são realmente exibidas em projeção de intensidade máxima (MIP). Para alterar a espessura do corte, é necessário que as imagens sejam classificadas por fases e quadros (essa classificação é definida por padrão, mais detalhes na Seção 2.1). A alteração é possível na faixa de 0 a 50 mm. É impossível definir uma espessura menor que a espessura das imagens originais.

Para alterar a espessura do lado direito das janelas em que os modos **«Mono-CT»**, **«Mono-PET»** e **«Fusão (PET+CT)»** (Seção 9.2), existe uma ferramenta mostrada na Fig. 9.4. No meio

da ferramenta, a espessura atual da seção é exibida, as setas indicam os controles deslizantes usados para alterar a espessura. Para alterar a espessura, mova qualquer controle deslizante com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse pressionado. Para aumentar a espessura, mova o controle deslizante para longe do centro. Para diminuir, para o centro.

Ao exportar e adicionar à lista de impressão, é utilizada a espessura definida com a ferramenta.

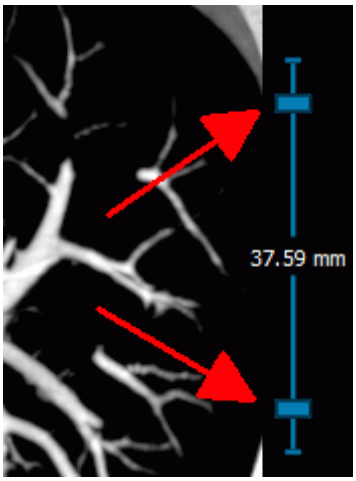


Figure 9.4: Ferramenta de espessura para MIP

Ao trabalhar com as ferramentas **«Valor de ponto»**, **«Retângulo ROI»**, **«Elipse ROI»** e **«Polígono ROI»**, os dados das imagens no modo MIP são exibidos, quando a espessura muda, o resultado da medição é recalculado automaticamente. As medições restantes são realizadas com os dados originais.

9.4 Ferramenta «Executar»

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O funcionamento da ferramenta é semelhante ao descrito na seção 5.10.

9.5 Gravação de vídeo

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O funcionamento da ferramenta é semelhante ao descrito na Seção 2.15.

9.6 Configuração das opções da janela

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

A definição dos parâmetros da janela **Análise PET** é descrita na Secção 16.7.9.

9.7 Posicionamento das imagens

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Use as seguintes ferramentas para posicionar as imagens:

	A ferramenta **«Redefinir»** desfaz todas as ações feitas com as ferramentas **«Girar»**, **«Zoom»**, **«Deslocar»**
	A ferramenta **«Girar»** é descrita na Seção 2.16
	A ferramenta **«Zoom»** é descrita na Seção 2.16. A janela de análise PET permite dimensionar imagens. Se as imagens na mesma projeção estiverem abertas em outras janelas, elas serão dimensionadas de forma síncrona
	A ferramenta **«Deslocar»** é descrita na Seção 2.16. A janela de análise PET permite mover imagens. Se as imagens na mesma projeção forem abertas em outras janelas, elas se moverão de forma síncrona
	A ferramenta **«Plano axial»** exibe imagens em um plano axial. Para alterar a projeção da janela selecionada para axial, clique no botão na barra de ferramentas ou prima no teclado **Shift+A**
	A ferramenta **«Plano coronal»** exibe imagens no plano coronal. Para alterar a projeção da janela selecionada para frontal, clique no botão botão na barra de ferramentas ou prima no teclado **Shift+C**
	A ferramenta **«Plano sagital»** exibe imagens no plano sagital. Para alterar a projeção da janela selecionada para sagital, clique no botão na barra de ferramentas ou prima no teclado **Shift+S**
	A ferramenta **«Sincronizar rolagem de séries»** permite que você role de forma síncrona pelas imagens nas janelas PET, CT e PET+CT

	A ferramenta **«Selecionar o ponto de modelo»** permite alternar nas janelas PET, CT e PET+CT para imagens correspondentes ao ponto selecionado na janela MIP

A projeção MIP gira em torno de um eixo vertical. Para girar, mova o cursor do mouse para a esquerda e para a direita enquanto mantém pressionado o botão esquerdo ou mova a barra de rolagem.

9.8 Visualização de imagens

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

As tabelas de cores são projetadas para exibir pixels e voxels com densidades diferentes em cores diferentes para facilitar a percepção. As cores da tela não correspondem à realidade.

A visualização de imagens é descrita na Seção 2.23. Para alterar a tabela de cores de uma janela específica, primeiro selecione essa janela com um clique do mouse. Na janela PET+CT, você pode alterar a tabela de cores apenas para a camada PET.

Para alterar a transparência da camada PET na janela PET+CT, mova o controle deslizante na parte superior da janela PET+CT (indicado pelo número 1 na Fig. 9.5).

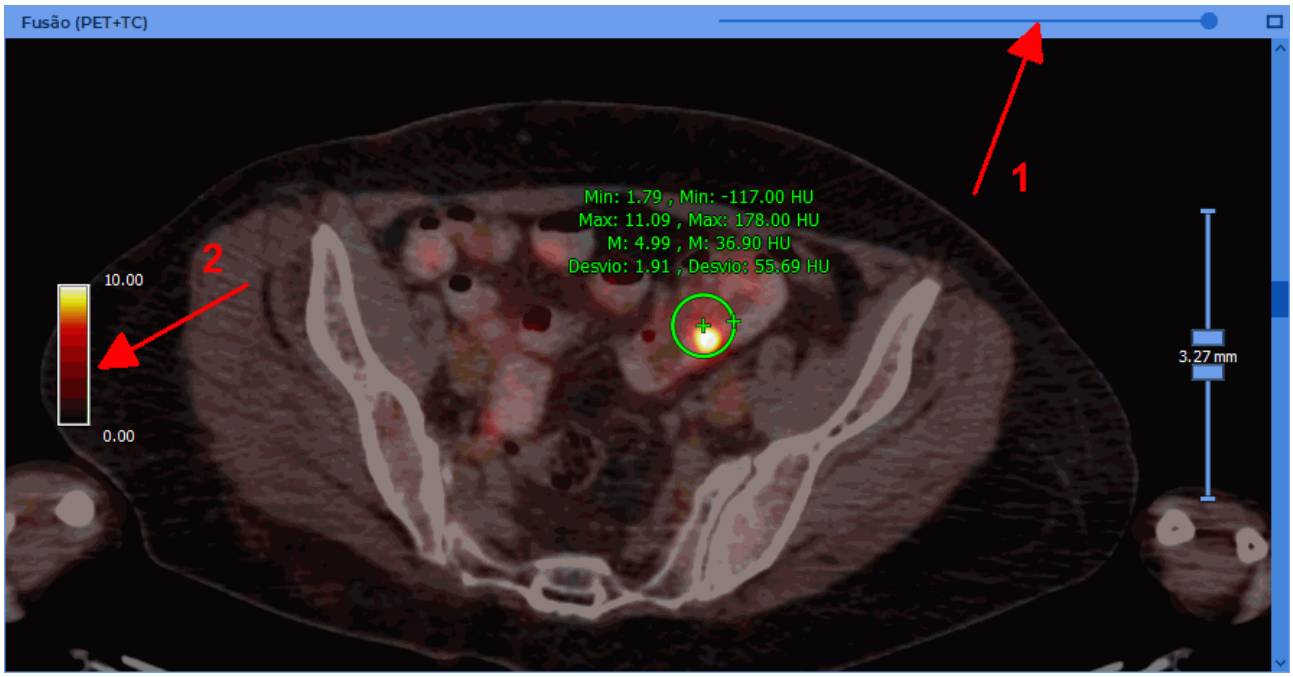


Figure 9.5: Janela «PET+CT»

Na janela PET+CT existe uma escala da tabela de cores para a camada PET (indicada pelo número 2 na Fig. 9.5). Se o modo de medição SUV estiver desativado, os limites da escala coincidem com os valores mínimo e máximo da janela da camada PET. Se o modo de medição SUV estiver ativado, os limites da escala coincidem com os valores mínimo e máximo de SUV na imagem atual da camada PET.

Aferramenta **«Ajustar Janela/Nível»** é descrita na Seção 2.17. Para alterar a largura/nível das imagens CT nas janelas CT e PET+CT, selecione a janela CT com o mouse. Para alterar os valores de todas as imagens PET, selecione qualquer janela exceto CT com o mouse.

Atenção! Nas janelas PET+CT e PET, apenas a borda superior da janela para a camada PET é alterada usando a ferramenta «Ajustar Janela/Nível».

O valor padrão para a borda superior da janela é determinado pela configuração da **«Limite superior de janela»**. Existem duas opções disponíveis:

1. **«Valor máximo de SUV»**. Nesse caso, a borda superior da janela é definida por padrão com o valor especificado no SUV.

2. **«Percentagem máxima de janela»**. Nesse caso, o limite superior é definido como a porcentagem especificada da largura recomendada da janela. Como o limite inferior padrão para PET é zero, a largura da janela é numericamente igual ao valor do limite superior e a porcentagem é realmente retirada de seu valor. Se diferentes limites superiores recomendados forem especificados para diferentes imagens na série, a porcentagem será obtida a partir do máximo desses valores.

9.9 Medições e anotações

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Use as seguintes ferramentas para medir:

	A ferramenta **«Régua»** é descrita na Seção 2.19
	A ferramenta **«Régua poligonal»** é descrita na Seção 2.19
	A ferramenta **«Ângulo»** é descrita na Seção 2.19
	A ferramenta **«Valor de ponto»** é descrita na Seção 2.19
	A ferramenta **«Retângulo ROI»** é descrita na Seção 2.19
	A ferramenta **«Elipse ROI»** é descrita na Seção 2.19

	A ferramenta **«Polígono ROI»** é descrita na Seção 2.19
	A ferramenta **«Esfera VOI»** é descrita na Seção 9.10
	A ferramenta **«Excluir todas as anotações e medidas»** é descrita na Seção 2.19
	A ferramenta **«Mostrar SUV»** é descrita na Seção 2.24
	A ferramenta **«Ícone da seta»** é descrita na Seção 2.33
	A **«Ferramenta lápis»** é descrita na Seção 2.33
	A **«Ferramenta texto»** é descrita na Seção 2.33
	A ferramenta **«Polígono»** é descrita na Seção 2.33
	A ferramenta **«Elipse»** é descrita na Seção 2.33

Para abrir a caixa de diálogo de configurações de SUV, clique na seta no botão **«Mostrar SUV»** e selecione o comando **«Configurações...»**.

Se você quiser exibir imediatamente o valor SUV na janela de análise PET ao abrir uma análise, marque a opção **«Ativar modo SUV automaticamente»** (mais detalhes na Seção 16.7.9). Se não houver dados suficientes para calcular o SUV, será exibida uma caixa de diálogo para inserir parâmetros . Mais na Seção 2.24.

9.10 Medição do valor médio e desvio padrão da intensidade no espaço

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

A ferramenta **«Esfera VOI»** é semelhante às ferramentas de ROI descritas na Seção 2.19, mas as medições são feitas no espaço delimitado pela esfera.

9.10.1 Construindo uma esfera

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro me-

diante o pagamento de uma taxa.

Para construir uma esfera, siga estas etapas:

1. Selecione uma série para medir, navegue até a imagem onde o centro da esfera deve estar.
2. Ative a ferramenta **«Esfera VOI»** clicando no botão na barra de ferramentas com o botão esquerdo, direito ou do meio do mouse. Para continuar trabalhando com a ferramenta, use o botão que foi usado para ativar a ferramenta. Para obter mais informações sobre gerenciamento de ferramentas, consulte 1.14.
3. A esfera VOI pode ser construída de duas maneiras:
   - mova o cursor para o ponto onde deveria estar o centro da esfera. Clique no botão do mouse. Defina o diâmetro da esfera desejado movendo o mouse. Para finalizar a construção, clique com o botão do mouse;
   - clique com o botão do mouse no ponto onde o centro da esfera deve estar localizado e, mantendo o botão do mouse pressionado, defina o diâmetro desejado da esfera. Para fixar o diâmetro da esfera, solte o botão do mouse.
4. Para cancelar uma construção inacabada, pressione o botão **Esc** no seu teclado.

As seguintes opções são exibidas ao lado da esfera (Fig. 9.5):

- valor mínimo de intensidade;
- valor máximo de intensidade;
- valor médio de intensidade;
- desvio padrão.

As janelas CT e PET exibem resultados apenas para as respectivas séries, enquanto a janela PET+CT exibe resultados para ambas as séries.

9.10.2 Localização da esfera no espaço

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

A janela MIP sempre exibe todas as esferas construídas. Em outras janelas da imagem, a linha de interseção da esfera com o plano da imagem e os resultados da medição são exibidos. Conforme você se afasta do centro da esfera, o diâmetro desse círculo diminui. Se a esfera não cruzar com o plano da imagem, os resultados da medição para a esfera não serão exibidos nesta janela.

Se o centro da esfera estiver na imagem atual e a ferramenta **«Esfera VOI»** estiver ativada, serão exibidos cruzes no centro da esfera e em sua borda.

9.10.3 Ações com a esfera

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para editar uma esfera, faça o seguinte:

1. Navegue até a imagem que contém o centro da esfera. Para fazer isso, role pelas seções até que apareçam retículos no centro e na borda da esfera.
2. Para mover a esfera, mova o cursor sobre a mira em seu centro e, mantendo pressionado o botão esquerdo do mouse ou o botão com o qual a ferramenta está ativada no momento, mova o mouse. Ao passar o cursor, a mira aumenta.
3. Para alterar o raio, mova o cursor sobre a mira na borda e, mantendo pressionado o botão esquerdo do mouse ou o botão com o qual a ferramenta está ativada no momento, mova o mouse. Ao passar o mouse, a mira aumentará.

Para mover um bloco com resultados de medição, coloque o cursor sobre ele e mova o mouse enquanto mantém pressionado o botão esquerdo ou o botão com o qual a ferramenta está ativada no momento. Para isso, não é necessário que o centro da esfera esteja na imagem atual.

Para excluir uma esfera, mover o cursor sobre o bloco com os resultados das medições, fazer uma cruz no centro ou nas bordas da esfera e premir a tecla **Delete** no teclado, ou clicar com o botão direito do rato e selecionar o comando **«Remover objeto»**.

9.10.4 Opções de renderização

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para alterar os parâmetros de desenho da esfera construída:

1. Posicione o cursor no bloco com os resultados da medição ou na mira no centro ou na borda da esfera.
2. Clique com o botão direito.
3. No menu de contexto que se abre, selecione o item **«Opções de ferramenta...»**.
4. Na caixa de diálogo que se abre, defina a cor clicando com o botão esquerdo no quadrado colorido.
5. Defina o nome do objeto, a espessura da linha e o tamanho da fonte.
6. Para que o bloco com resultados de medição seja conectado à esfera por uma linha pontilhada, defina a opção **«Nota de rodapé»**.

7. Para usar os valores inseridos por padrão, defina a opção **«Definir por padrão»**.

8. Para aplicar as configurações, clique em **«OK»**. Para cancelar as alterações, clique em **«CANCELAR»**.

9.11 Sincronização na aba de análise PET

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

A sincronização é aplicada se várias imagens do mesma análise estiverem abertas na aba **«Análise PET»**. Permite percorrer imagens de diferentes séries de forma síncrona. Por padrão, a rolagem síncrona de imagens de uma análise está habilitada.

O dimensionamento e a movimentação são realizados de forma síncrona para todas as séries, incluindo séries de diferentes análises.

Para configurar a sincronização, siga estas etapas:

1. Clique na seta no botão **«Sincronizar rolagem de séries»** na barra de ferramentas.

2. 2. Escolha um dos itens:

   - **«Sincronizar séries do mesmo estudo»**. Permite rolar de forma síncrona por instantâneos de séries com o mesmo valor de tag «frameOfReferenceUid». Se o valor do tag «frameOfReferenceUid» for diferente na série, a sincronização falhará;
   - **«Sincronizar da posição atual»** Permite rolar sincronizadamente as imagens da série a partir das posições atuais.

3. Se o botão não estiver pressionado, clique em seu lado esquerdo.

A sincronização é realizada para seções localizadas em planos paralelos ao plano da seção de sincronização.

Para desativar a sincronização, clique no lado esquerdo do botão **«Sincronizar rolagem de séries»** .

Chapter 10

Endoscopia virtual

10.1 Abrindo uma análise na janela de endoscopia virtual

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para abrir uma análise na janela de Endoscopia Virtual, faça o seguinte:

1. Carregue os análises no DICOM Viewer.

2. Destaque a análise desejado no painel de análises.

3. Clique no botão **«Endoscopia virtual»** na barra de ferramentas. Para selecionar a opção de posicionamento da aba desejada (na janela atual, em uma janela separada, no modo tela cheia), clique na seta no botão **«Endoscopia virtual»**. Para abrir a janela de endoscopia virtual em uma nova aba na janela atual, clique no lado esquerdo do botão. O processo pode demorar algum tempo.

A janela de endoscopia virtual é mostrada na Fig. 10.1.

A qualidade de visualização na janela **«Endoscopia virtual»** é ajustada nas abas **«Reconstrução MPR»** e **«Reconstrução volumétrica»** (ver Seção 3.14).

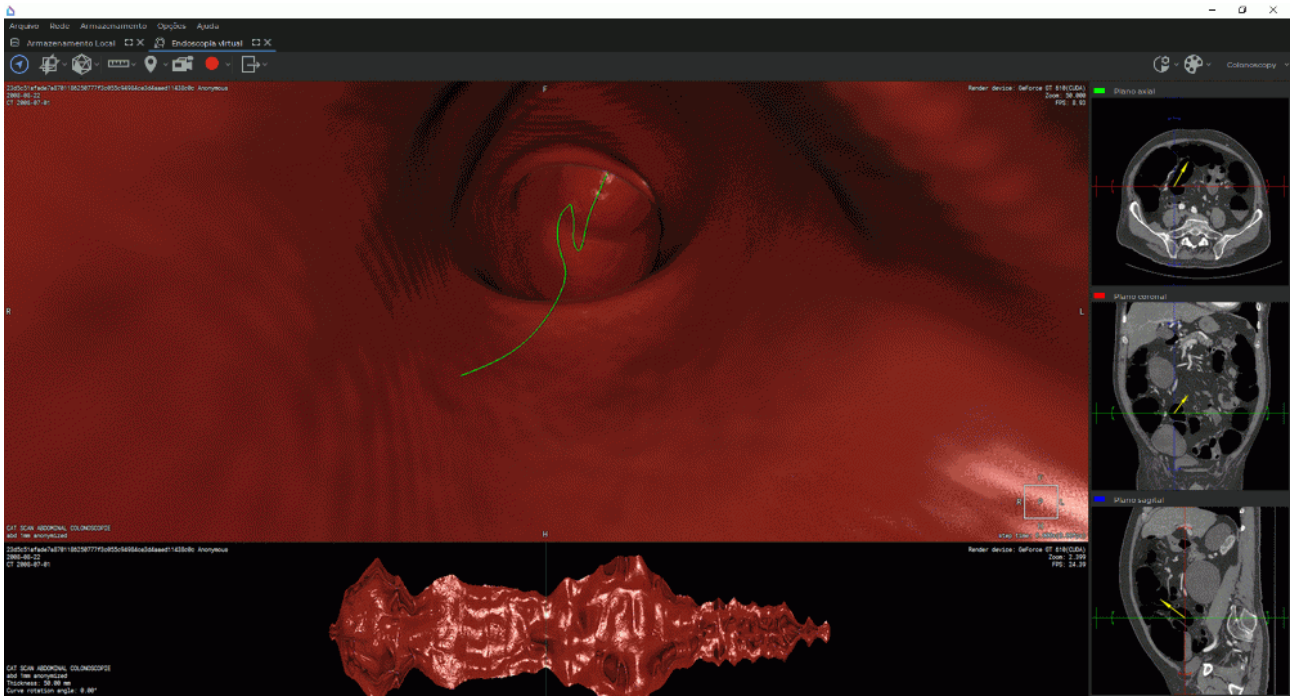


Figure 10.1: Janela «Endoscopia virtual»

Se a câmera estiver nos tecidos densos do corpo, não há imagem no lado esquerdo da tela. Você deve mover manualmente a câmera para dentro da cavidade do corpo. A movimentação da câmera é descrita na Seção 10.3.

10.2 Elementos da representação. Configurando o painel MPR

10.2.1 Elementos de representação

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Na parte superior esquerda da aba, há uma barra de ferramentas (Fig. 10.2).

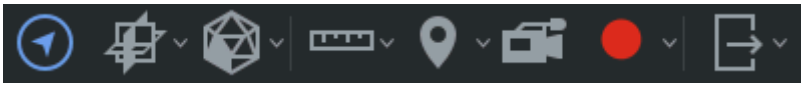


Figure 10.2: Barra de ferramentas

No lado direito está a barra de navegação do MPR.
Na parte superior direita está o painel de configurações de visualização (Fig. 10.3).

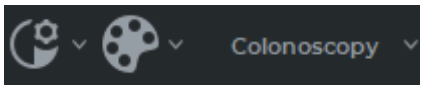


Figure 10.3: Painel de configurações de visualização

Depois de ativar o modo de voo da câmera (Seção 10.3.1) na parte inferior da janela é exibido o desdobramento da superfície da cavidade (Fig. 10.4).

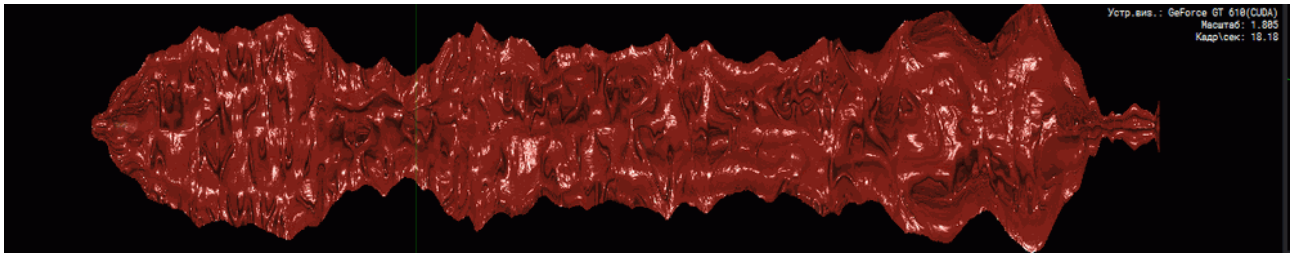


Figure 10.4: Painel de desdobramento de superfícies

A varredura é apenas para fins de navegação. O diagnóstico baseado nele não é permitido. Para fazer um diagnóstico, você deve abrir a série correspondente no visualizador de imagens planas

10.2.2 Configuração da barra de navegação do MPR

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O painel MPR (reconstrução multiplanar) consiste em três partes, cada uma das quais exibe uma seção do corpo de um dos três planos ortogonais.

Para ocultar/mostrar a barra de navegação MPR, clique no botão **«Navegação de MPR»** na barra de ferramentas.

Para redimensionar um painel, mova sua borda. Para fazer isso, mova o cursor do mouse para a borda do painel para que o cursor se pareça com , e, segurando o botão esquerdo do mouse, mova a borda.

Para alterar as dimensões das partes do painel que exibem seções por planos diferentes, mova as bordas que separam as partes do painel da mesma maneira.

10.3 Movimento da câmera

10.3.1 Movimento automático da câmera

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Ao mover a câmera automaticamente, existe o risco de perder áreas de tecido importantes. Use-o apenas em adição ao movimento manual

Para mover automaticamente, faça o seguinte:

1. Mova a câmera para a cavidade do corpo usando a barra de navegação MPR. Se a superfície vermelha da cavidade for exibida na parte esquerda da janela, a câmera está na cavidade do corpo. Caso contrário, a câmera está em tecidos densos. Você precisa corrigir sua localização.

2. Inicie o movimento automático clicando em:

   - botão **«Espaço»** no teclado;
   - botão **«Simulação de voo»** na barra de ferramentas.

Parar a câmera é feito da mesma maneira.

Depois de ativar o movimento automático da câmera na cavidade, é desenhada uma linha central ao longo da qual a câmera se move. A linha é mostrada em verde. A linha vertical na barra de varredura corresponde à posição em que a câmera está localizada.

Dependendo da qualidade das imagens, a linha central pode não ser desenhada corretamente. É necessário verificar a exatidão de sua construção

Para aumentar a velocidade da câmera, pressione o botão **«+»** no teclado, para diminuir, **«-»**.

10.3.2 Controle manual da câmera

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O controle manual da câmera a partir do teclado é realizado pressionando as teclas do cursor no teclado. Abaixo estão as funções dessas teclas:

↑	câmera avança
↓	movimento da câmera para trás
←	rotação da câmera no sentido anti-horário
→	rotação da câmera no sentido horário

Para controlar a câmera usando o mouse e o teclado, faça o seguinte:

1. Para alterar o ângulo de rotação da câmera, mova o mouse com a roda pressionada. A câmera gira na direção do movimento do cursor. O vetor de direção da câmera é exibido na barra de navegação do MPR.

2. Para mover a câmera no plano da imagem, mova o mouse com a roda pressionada enquanto mantém pressionado a tecla **Shift** no teclado. A câmera se move na direção do cursor.

3. Para mover livremente a câmera, use o painel de navegação MPR. Em qualquer janela de projeção, clique com o botão esquerdo no local onde deseja mover a câmera, ou mova o mouse com o botão esquerdo pressionado. A câmera segue o cursor.

4. Para mover a câmera ao longo da linha central, mova manualmente a varredura enquanto mantém pressionado o botão esquerdo do mouse. A linha vertical na barra de varredura corresponde à posição em que a câmera está localizada.

5. Para mover a câmera para o ponto desejado na varredura, clique com o botão direito neste ponto no painel de varredura.

10.4 Gravação de vídeo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite gravar vídeo para a janela de visualização da cavidade.
É gravado em vídeo:

- imagens de tecidos do volume base;
- linha central;
- medidas;
- marcadores;
- tags;
- cubo de orientação.

No restante, o funcionamento da ferramenta é semelhante ao descrito na Seção 2.15.

10.5 Configuração de imagem

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para alterar o ângulo da câmera, gire a roda do mouse. Aumentar, para si mesmo; diminuir, para longe de você.

Para alterar a configuração de visualização, use o painel de configurações de visualização localizado na parte superior direita da aba. O trabalho com o painel é descrito na Seção 5.5.

10.6 Medidas e marcadores

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite colocar marcadores na imagem e realizar medições lineares. O trabalho com a ferramenta **«Marcador»** é descrito na Seção 3.12. O trabalho com as ferramentas **«Régua»** e **«Régua poligonal»** por partes é descrito nas seções 2.19 e 3.11.2. No entanto, na janela de endoscopia virtual, a alternância entre as ferramentas **«Régua poligonal»** e **«Régua»** ocorre no menu que se abre quando você clica na seta no botão (ou no modo de medição semilinear).

10.7 Reconstrução multiplanar

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para mudar para a reconstrução multiplanar, clique no botão **«Reconstrução multiplanar (MPR)»** . A reconstrução é aberta em uma nova aba. A reconstrução multiplanar é descrita no Capítulo 5.

A posição da câmera é sincronizada com a posição do cursor na reconstrução MPR e a navegação é realizada de forma síncrona. Por conveniência, você pode abrir a reconstrução MPR em uma janela separada e colocá-la ao lado da janela de endoscopia virtual.

10.8 Reconstrução de polígonos

10.8.1 Criação de superfície

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para reconstrução, clique no botão **«Reconstrução de superfície»** na barra de ferramentas.

O processo pode demorar algum tempo.

Um exemplo de reconstrução é mostrado na Fig. 10.5.

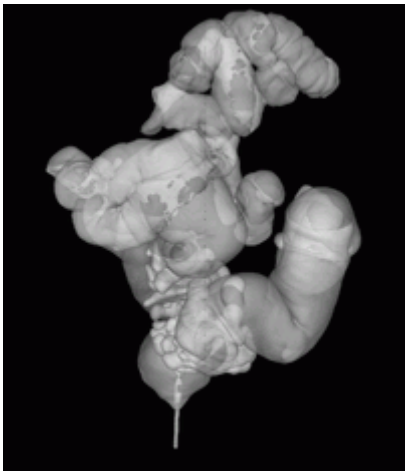


Figure 10.5: Reconstrução de superfície

Para mostrar/ocultar a orientação da câmera na janela de superfície, clique no botão **«Mostrar orientação da câmera»** . A orientação da câmera na superfície e na aba de endoscopia virtual são sincronizadas. Por conveniência, você pode abrir a reconstrução do ligamento em uma janela separada e colocá-la ao lado da janela de endoscopia virtual.

A localização da câmera é marcada com um marcador azul.

A seta amarela indica a direção de visualização, a verde é direcionada para cima em relação à -câmera (Fig. 10.6).

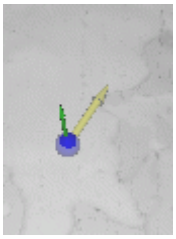


Figure 10.6: Elementos de Exibição de Orientação da Câmera

10.8.2 Orientação de superfície e navegação

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

- Para girar a superfície, mova o mouse com a roda pressionada. Para selecionar uma das opções de orientação predefinidas, use os botões na barra de botões de orientação (Fig. 10.7).

Figure 10.7: Barra de Orientação de Superfície

- Para mover a câmera, ligue a exibição de orientação da câmera e clique com o botão esquerdo -na reconstrução da superfície 3D. A câmera se move para o centro da cavidade no local selecionado. Se houver cavidades sobrepostas no corpo, a câmera é colocada na cavidade mais próxima do observador.
- Para alterar o vetor de direção da câmera, clique com o botão direito do mouse em qualquer ponto da superfície. O vetor é direcionado para o ponto especificado.
- Mova o cursor deslizante **«Transparência do modelo»** para alterar a transparência do modelo.
- Para mover a superfície, mova o mouse com a roda pressionada enquanto mantém pressionada a tecla **Shift**.
- Para dimensionar a superfície, mova a roda do mouse enquanto mantém pressionada a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS).

10.9 Exportar

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A exportação é semelhante à exportação de imagem descrita na Seção 2.28, exceto que não é possível exportar toda a série na janela de endoscopia virtual.

Chapter 11

Visualizando um ECG

O diagnóstico é possível apenas para ECGs superficiais

11.1 Selecionando uma fonte de dados

Selecione uma fonte de dados. O algoritmo de seleção de fonte é descrito na Seção 1.5.

11.2 Abrindo uma série no visualizador de ECG

Carregue as análises no DICOM Viewer e selecione a análise necessária. Existem 5 maneiras de abrir uma série:

1. Ao clicar no botão **«Visualizador ECG»** na barra de ferramentas. Para escolher o posicionamento desejado da aba (na janela atual, em uma janela separada, no modo de tela inteira), clique na seta no botão. Para abrir a janela de visualização de ECG em uma nova aba na janela atual, clique no lado esquerdo do botão.

2. Ao clicar duas vezes com o botão esquerdo do mouse no nome da pesquisa no painel da análise.

3. Clicando duas vezes com o botão esquerdo do mouse na miniatura da série no painel da série.

4. Arrastando a miniatura da série para o painel da análise enquanto mantém pressionado o botão esquerdo do mouse.

5. Clicando com o botão direito do mouse no menu de contexto da miniatura da série e selecionando um dos itens na seção **«Visualizador ECG»**. O ECG será aberto em uma nova aba na janela atual (Fig. 11.1).

Você também pode abrir uma série na janela de visualização de ECG a partir da janela do explorador arrastando a pasta de análises do explorador para a aba da lista de análises. Uma

nova aba da lista de análises é aberta. A primeira série da análise é aberta em uma nova aba de exibição de ECG.

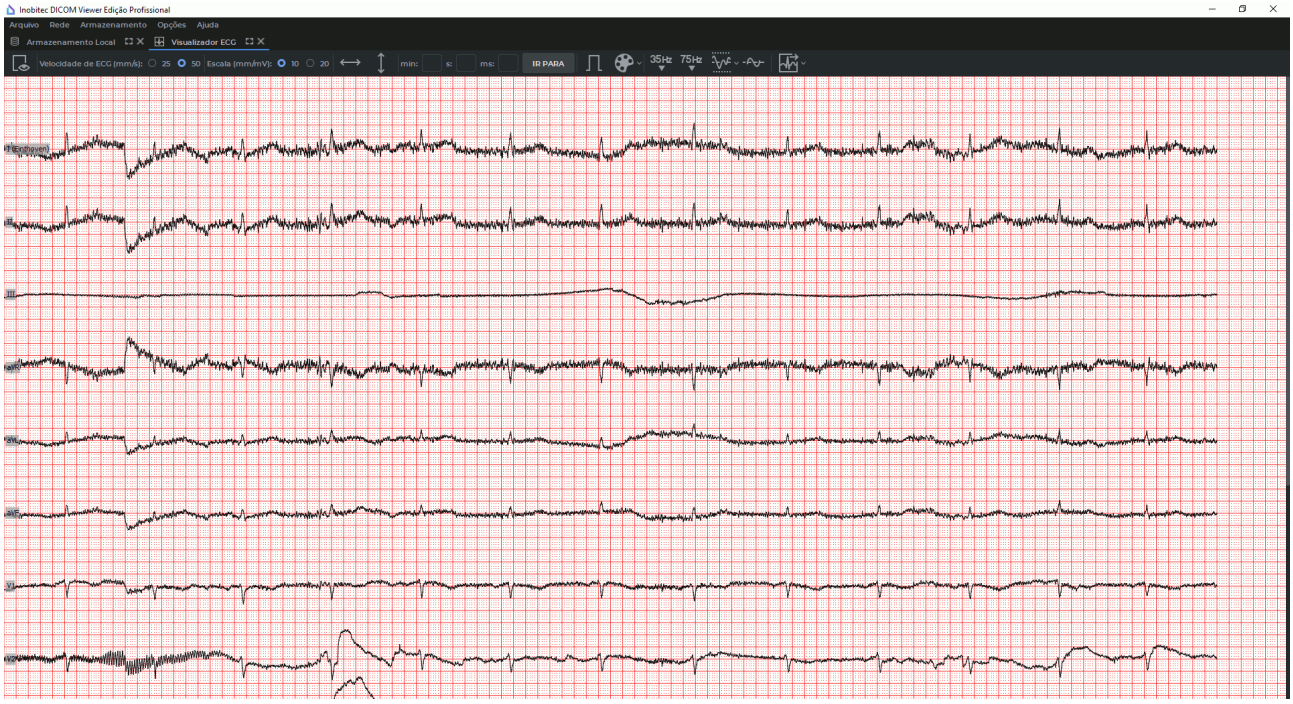


Figure 11.1: Janela de Visualização de ECG

11.3 Visualização de gráficos

Se os gráficos não couberem na tela, mova-os:

- horizontalmente com o mouse com o botão esquerdo pressionado;
- verticalmente girando a roda do mouse.

Se uma série contiver vários conjuntos de ECG, o painel de exibição do conjunto aparecerá na parte superior direita da janela (Fig. 11.2).

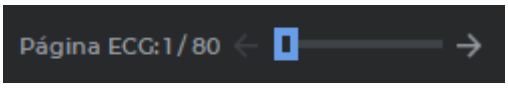


Figure 11.2: Painel de visualização do conjunto de ECG

Para visualizar os conjuntos, mova o cursor sobre a barra de rolagem e gire a roda do mouse ou pressione os botões ← → . O painel exibe o número do conjunto atual e seu número total.

11.4 Painel de ferramentas

A barra de ferramentas está localizada na parte superior da aba (Fig. 11.3).

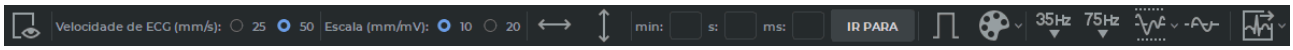


Figure 11.3: Barra de ferramentas

11.4.1 Seleção de guias

Para selecionar as guias a serem exibidas, faça o seguinte:

1. Clique no botão **«Definir derivações visíveis»** na barra de ferramentas. A janela mostrada na Fig. 11.4.

2. Defina os sinalizadores ao lado dos leads que deseja exibir. Por padrão, todos os leads são exibidos.

3. Para aplicar as configurações, clique no botão **«OK»**. Para cancelar, no botão **«CANCELAR»**.

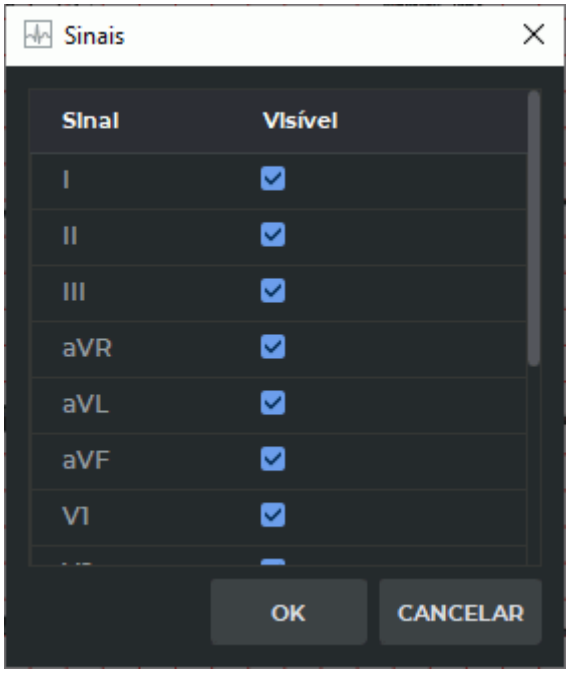


Figure 11.4: Janela de seleção de derivação

11.4.2 Velocidade do ECG

Existem 2 configurações de velocidade disponíveis: 25 e 50 mm/s. A velocidade padrão é 50mm/s. O valor necessário é definido pelo botão (Fig. 11.5).

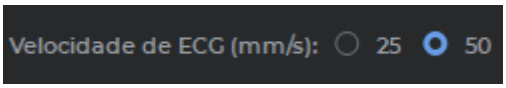


Figure 11.5: Barra de ferramentas (configuração de velocidade)

11.4.3 Escala

Existem 2 valores de escala disponíveis: 10 e 20 mm/mV. A escala padrão é 10 mm/mV. O valor necessário é definido usando o botão (Fig. 11.6).

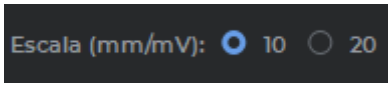


Figure 11.6: Barra de ferramentas (configuração de escala)

11.4.4 Intervalo

Para selecionar um intervalo de comprimento, faça o seguinte:

1. Ative a ferramenta **«Intervalo»** ⟷ na barra de ferramentas.
2. Ao mover o mouse sobre o gráfico, encontre o ponto a partir do qual deseja iniciar a contagem (não importa de que lado o ponto esteja à direita ou à esquerda).
3. Pressione qualquer botão do mouse para corrigir este ponto.
4. Mova o mouse sobre o gráfico para encontrar o segundo ponto. O valor da duração do intervalo é exibido no fundo do intervalo.
5. Clique em qualquer botão do mouse para corrigir este ponto.

Para mover o intervalo construído, coloque o cursor sobre ele e, pressionando qualquer botão do mouse, mova o intervalo com o mouse.

Você só pode construir um intervalo de cada vez.

Para remover o intervalo, desative a ferramenta **«Intervalo»**.

11.4.5 Intervalo de valor

Para selecionar um intervalo de valores, faça o seguinte:

1. Ative a ferramenta **«Intervalo de valor»** ↕ na barra de ferramentas.

2. Ao mover o mouse sobre o gráfico, encontre o ponto a partir do qual deseja iniciar a contagem (não importa de que lado o ponto esteja: superior ou inferior).

3. Pressione qualquer botão do mouse para corrigir este ponto.

4. Mova o mouse sobre o gráfico para encontrar o segundo ponto. O valor dentro do intervalo é exibido no fundo do intervalo.

5. Pressione qualquer botão do mouse para corrigir este ponto.

As unidades do intervalo de valores na série de ECG são determinadas automaticamente com base nos tags DICOM da série. Se os dados necessários estiverem ausentes, o valor de medição do intervalo selecionado não será exibido.

Para mover o intervalo construído, coloque o cursor sobre ele e, clicando em qualquer botão do mouse, mova o intervalo com o mouse.

Você só pode construir um intervalo de cada vez.

Para remover o intervalo, desative a ferramenta **«Intervalo de valor»**.

11.4.6 Ir para um tempo específico no gráfico

Para pular para um tempo específico no gráfico, insira os valores em minutos, segundos e milissegundos na barra de ferramentas nos campos apropriados (Fig. 11.7) e clique no botão **«Ir para»**. O gráfico é deslocado para que uma parte do gráfico seja exibida na tela, começando no tempo especificado. Você pode mover o gráfico a qualquer momento com o mouse.

Se o valor de tempo inserido for maior que a duração da análise, o gráfico ficará fora de vista. Insira um novo valor ou mova o gráfico manualmente.

Se o valor de qualquer parâmetro for zero, não é necessário inseri-lo. Por exemplo, para mover para um ponto com tempo de 1 minuto e 110 ms, insira os valores conforme a Fig. 11.7.

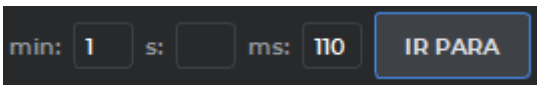


Figure 11.7: Saltar para o tempo 1 minuto 0 segundos 110 milissegundos

11.4.7 Configuração do plano de coordenadas

Para exibir a escala no plano coordenado, ative a ferramenta **«Escala de ECG»** na barra de ferramentas (não ativa por padrão). Pressionar o botão novamente fará com que a linha de escala desapareça.

A escala de ECG é determinada automaticamente com base nas tags DICOM da série. Se os dados necessários não estiverem disponíveis, a linha de escala não será exibida.

Para alterar o esquema de cores, clique no botão **«Escolha esquema de cores»** na barra de ferramentas. Duas opções de esquema de cores estão disponíveis: clássico (definido por padrão) e verde (Fig. 11.8).

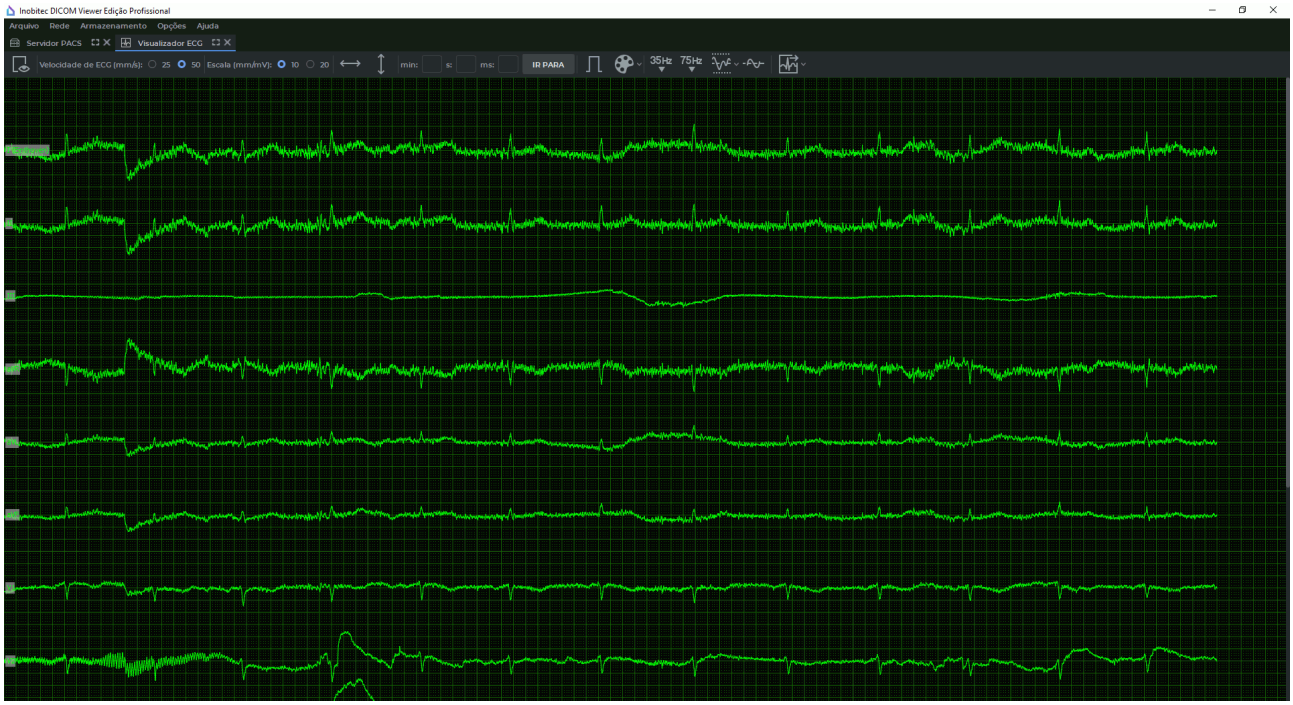


Figure 11.8: Esquema de cores verde

11.5 Filtros de frequência

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Se o ECG for registrado com ruído e distorção, use filtros para isolar o sinal útil e corrigir os gráficos.

Os gráficos mudam quando os filtros são usados. Os dados da linha de base devem ser usados para fazer um diagnóstico

Os filtros passa-baixa cortam frequências acima de 35 Hz (botão 35Hz **«Filtro passa-baixo 35 Hz»**) ou 75 Hz (botão 75Hz **«Filtro passa-baixo 75 Hz»**). Para aplicar um filtro, pressione o botão desejado. Para desativar o filtro, clique no botão novamente. Apenas um filtro passa-baixa pode ser aplicado por vez.

Para remover o ruído criado pelas flutuações de corrente na fonte de alimentação da máquina de ECG, use um filtro notch de banda estreita. O instrumento possui dois valores predefinidos (50 Hz e 60 Hz). Na Rússia, a frequência atual é de 50 Hz. Para selecionar o valor do filtro desejado, clique na seta no botão **«Filtro Notch»**.O valor atual é marcado com um sinalizador. Se você precisar definir um valor diferente, selecione o comando **«Personalizada...»** no menu de botões e insira o valor desejado na caixa de diálogo que se abre. Para aplicar o filtro com o valor atual, clique no lado esquerdo do botão **«Filtro Notch»**.

Para desativar o filtro, clique no botão novamente.

Use um filtro passa-alta de 1 Hz para eliminar o desvio na linha de base do gráfico. Para fazer isso, clique no botão **«Filtro passa-alto 1 Hz»**. Para desativar o filtro, clique no botão novamente.

11.6 Exportação de séries

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Ao exportar, a série é salva na forma que possui após a aplicação de filtros de frequência. A série é armazenada localmente na mesma análise. Para abrir a caixa de diálogo de exportação, clique na seta no botão **«Exportação rápida de ECG»**.

Modifique a descrição da série, se necessário.

Para carregar a série no servidor PACS selecionado por padrão durante a exportação, defina a opção **«Carregar ECG para o servidor padrão»** na caixa de diálogo de exportação.

Para exportar uma série com configurações padrão, clique no lado esquerdo do botão **«Exportação rápida de ECG»**.

Chapter 12

Etiquetagem de imagens

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O módulo descrito neste capítulo foi concebido para a seleção manual de diferentes objetos em imagens DICOM. O módulo permite selecionar objetos em imagens DICOM utilizando contornos e exportá-los para o formato JSON. Os resultados do particionamento de imagens podem ser usados para treinar uma rede neural concebida para reconhecer partes de imagens.

Termos utilizados na descrição do módulo de particionamento de imagens:
Objeto — parte selecionada de uma imagem.
Marcação — seleção de objetos.
Classe (de objetos) — generalização de objetos por uma propriedade definida pelo utilizador. Uma classe tem um nome e propriedades únicos.

O módulo de marcação de imagens está disponível no separador de visualização de imagens planas e tem as seguintes funcionalidades:

- criar/editar a lista de classes de objetos e combinar classes em grupos;
- seleção de objetos de diferentes classes utilizando contornos;
- exportar e importar a árvore de grupos e classes de objetos;
- guardar os resultados da marcação e descarregá-los para trabalho posterior;
- exportação dos resultados da marcação com dados DICOM.

12.1 Licenciamento do módulo de marcação de imagens

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O módulo de marcação de imagem organiza dois níveis de acesso à funcionalidade. Os utilizadores com permissões avançadas têm a capacidade adicional de criar e editar classes e grupos. Para os outros utilizadores, a funcionalidade para os restantes utilizadores, a funcionalidade padrão do módulo, em que a criação, edição e exportação da árvore de grupos e classes, não estão disponíveis.

Ao iniciar o módulo ou ao tentar abrir os resultados da marcação de imagem, o painel de marcação com a funcionalidade padrão do módulo. Se o utilizador não tiver licença para utilizar o módulo de marcação de imagens não estiver ativado, é apresentada uma janela de diálogo (Fig. 12.1) com a oferta de ativação de um período de teste gratuito.

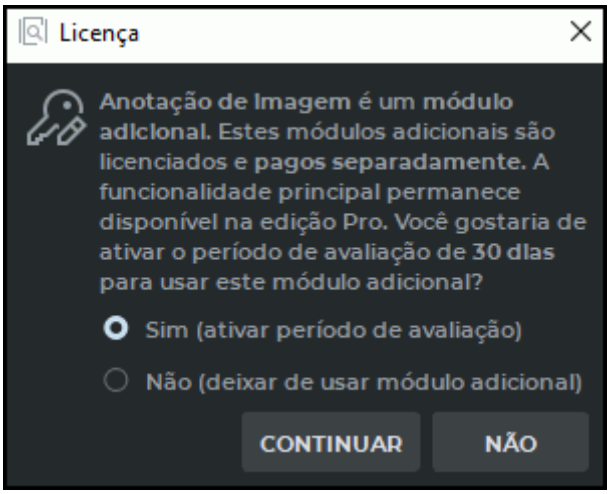


Figure 12.1: Caixa de diálogo de ativação do teste

A funcionalidade alargada do módulo de marcação de imagem está disponível para utilizadores individuais, mediante pedido. Não está disponível um período de teste gratuito. Se a licença ou o período de avaliação tiver expirado, o painel de marcação não abre. E apresentada uma caixa de diálogo informando-o de que é necessário adquirir uma licença.

12.2 Abrir uma série no modo de marcação de imagem

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para abrir uma série no modo de marcação de imagem, siga estes passos:

1. Abra a série no separador Visualização de imagem plana.
2. No menu principal **«Imagem»**, selecione **«Anotação de imagem»**.

O painel de marcação de imagem abre-se no lado direito da janela (Fig. 12.2). O painel de marcação de imagem é constituído por botões de função (realçados com uma moldura vermelha) e uma árvore de grupos e classes (realçada com uma moldura verde).

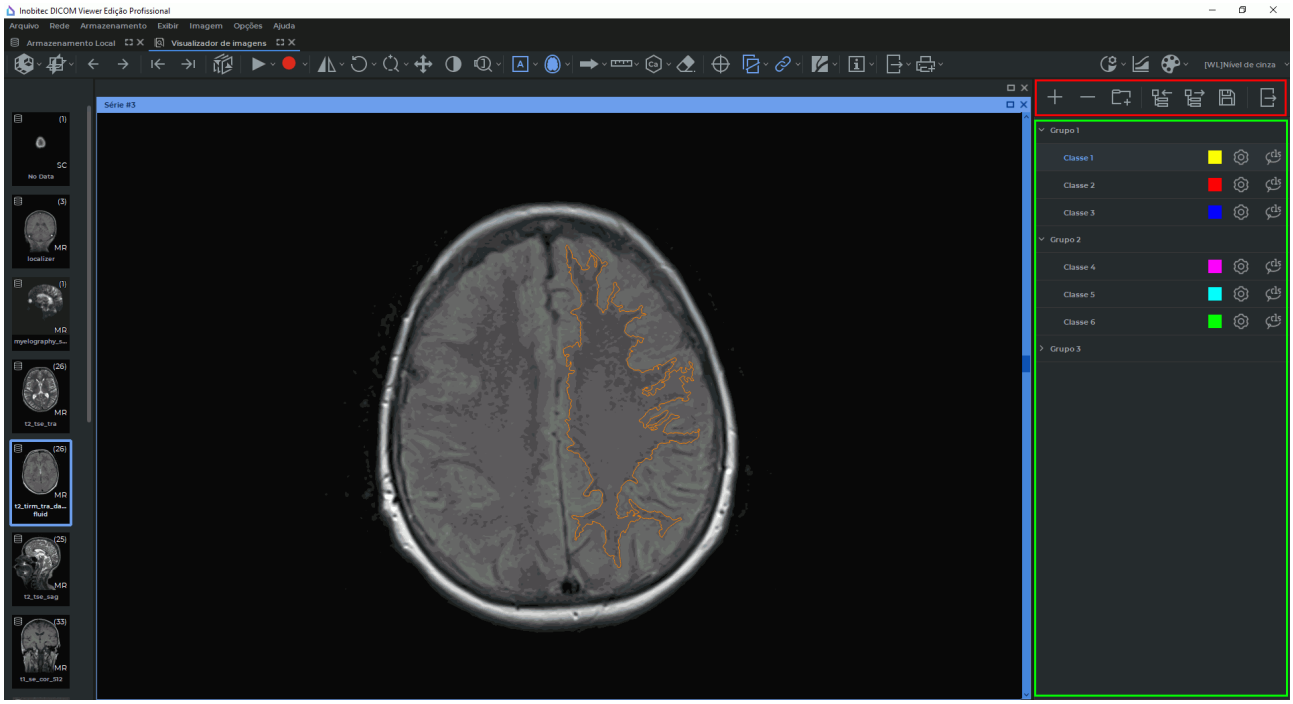


Figure 12.2: Separador de visualização de imagem plana no modo de marcação de imagem

Botões de função do painel Marcação de imagem:

+	Botão **«Adicionar classe»**. Disponível se não existirem itens selecionados na árvore de grupos e classes ou se estiver selecionado um item na lista. Se um grupo, a nova classe é adicionada ao grupo selecionado. Se for uma classe, a nova classe é adicionada ao grupo a que pertence a classe selecionada. Se a classe selecionada não estiver em nenhum grupo, a nova classe é adicionada ao nível superior. O botão está disponível para utilizadores com direitos avançados.
—	O botão **«Remover grupo/classe»** elimina os grupos e classes selecionados. O botão está disponível para utilizadores com direitos avançados.
	O botão **«Adicionar grupo»** cria um novo grupo vazio se não existirem classes entre os itens selecionados da lista.Se uma ou mais classes tiverem sido selecionadas na lista uma ou mais classes na lista, as classes selecionadas são combinadas num novo grupo.
	O botão **«Importar a árvore dos grupos e classes»** abre a caixa de diálogo para selecionar um ficheiro para importar a árvore dos grupos e turmas.
	O botão **«Exportar a árvore dos grupos e classes»** abre a caixa de diálogo para selecionar um ficheiro ficheiro json a guardar. Ao premir o botão «Salvar», é criado um novo ficheiro json ou substitui um ficheiro json existente que contém dados sobre a árvore atual de grupos e classes. O botão está disponível para utilizadores com permissões avançadas.
	O botão **«Salvar resultados»** oferece a possibilidade de guardar os resultados actuais da marcação para poder voltar a trabalhar com eles depois de reiniciar o programa. Ao clicar no botão, abre-se a caixa de diálogo para guardar num ficheiro json com informações sobre todos os objectos marcados para todas as séries de estudos do separador atual. A gravação é efectuada sem dados DICOM.
	O botão **«Exportar resultados com DICOM»** exporta os resultados da marcação de imagem juntamente com os dados DICOM. A exportação é realizada para uma pasta ou arquivo separado.

12.3 Criar uma árvore de grupos e classes de objetos

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

A funcionalidade está disponível num módulo opcional que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa. Uma estrutura de grupos e classes é uma lista hierárquica de elementos. Os elementos do nível superior podem ser grupos e/ou classes de objetos.

Elementos aninhados só podem ser classes de objetos. As classes de objetos que não estão incluídas em nenhum grupo, são colocadas no início da lista.

12.3.1 Criar uma nova classe de objetos

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Atenção! Esta funcionalidade está disponível para utilizadores com direitos avançados.

Adicione uma nova classe de objeto de uma das seguintes formas:

- clique no botão **«Adicionar classe»** + no painel de marcação de imagem;
- através do menu de contexto: clique com o botão direito do rato no painel de marcação e selecione **«Adicionar classe...»**.

Na caixa de diálogo **«Nova classe»** (Fig. 12.3), introduza o nome da classe de objeto. Por defeito o nome da classe de objetos é definido no formato: *Classe <número único>*.

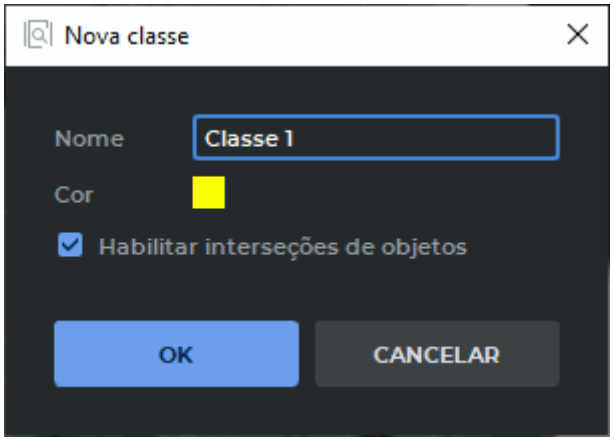


Figure 12.3: Diálogo para adicionar uma nova classe de objeto

Para proibir a intersecção de contornos de objetos, desmarque a opção **«Habilitar interseções de objetos»**. Esta bandeira está definida por defeito. Ajustar a cor dos contornos dos objetos desta classe, clicando no ícone de cor e selecionando a cor necessária na caixa de diálogo de seleção de cores.

Clique em **«OK»** para criar uma nova classe de objetos, ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

Se tiver sido selecionado um grupo ao clicar no botão **«Adicionar classe»**, a nova classe de objeto é adicionada ao grupo selecionado. Se uma das classes estiver selecionada, a nova classe de objetos é adicionada ao grupo a que pertence a classe selecionada. Se a classe selecionada não pertencer a nenhum grupo, a nova classe de objetos é adicionada ao nível superior da árvore de grupos e a nova classe de objetos é adicionada ao grupo selecionado. A nova classe de objetos é adicionada ao nível superior da árvore de grupos e classes.

12.3.2 Criar um grupo de classes de objetos

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Aviso. Esta funcionalidade está disponível para utilizadores com direitos avançados.

Adicione um novo grupo de uma das seguintes formas:

- clique no botão **«Adicionar grupo»** no painel de marcação de imagem;
- através do menu de contexto: clique com o botão direito do rato no painel de marcação e selecione **«Adicionar grupo...»**.

Na caixa de diálogo **«Novo grupo»** (Fig. 12.4), introduza um nome para o grupo. Por defeito o nome do grupo é definido no formato: *Grupo <número único>*.

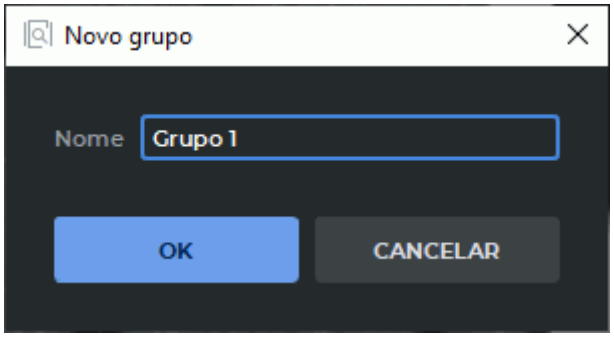


Figure 12.4: Diálogo para adicionar um novo grupo

Prima **«OK»** para criar um novo grupo ou **«CANCELAR»** para cancelar.

Se, ao clicar no botão **«Adicionar grupo»**, uma ou mais turmas estavam destacadas na lista, estas turmas são automaticamente movidas para o novo grupo. Noutros casos, é adicionado um novo grupo vazio.

12.3.3 Ações com grupos e classes de objetos

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Aviso. Esta funcionalidade está disponível para utilizadores com direitos avançados.

A alteração da árvore de grupos e classes atual pode causar incompatibilidade com árvores criadas anteriormente (consulte a Secção 12.3.4).

As seguintes ações estão disponíveis para grupos e classes de objetos:

- **Mover**. Para alterar a estrutura da árvore de grupos e classes, colocar o cursor no grupo ou classe e, mantendo o botão esquerdo do rato premido, mover o grupo ou classe selecionado dentro da estrutura em árvore;
- **Renomear**. Fazer duplo clique sobre o nome do grupo ou classe do objeto. Introduzir um novo nome e premir a tecla **Enter** no teclado;
- **Editar os parâmetros da classe do objeto**. Clicar no botão **«Configurações»** da classe de objeto selecionada e na caixa de diálogo **«Classe de configurações»** altere os parâmetros. A interface da caixa de diálogo **«Classe de configurações»** semelhante à interface da caixa de diálogo de criação de uma nova classe (Fig. 12.3);
- **Eliminação**. Selecionar o grupo ou a classe do objeto. Clicar com o botão direito do rato e selecione o item **«Remover grupo/classe»** no menu de contexto ou clique no botão **«Remover grupo/classe»** — no painel de marcação de imagem.

O estado atual da estrutura de grupos e classes de objetos é guardado num ficheiro json no momento do fim do programa. O ficheiro json é guardado no momento do fim do programa, se contiver pelo menos um grupo e/ou classe. Caso contrário, o ficheiro json é apagado. O ficheiro com o nome *ia_classes.json* está localizado na pasta *<Storage Path>/ImageAnnotation*, em que *<Storage Path>* é o caminho especificado no bloco **«Espaço de trabalho»** da janela Definições Gerais (ver Secção 16.1).

Quando o programa é iniciado, a estrutura atual é automaticamente carregada a partir do json especificado. Se o ficheiro não existir, então no início do programa o programa abre um painel de marcação de imagem vazio.

12.3.4 Compatibilidade das árvores de grupos e classes

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

À estrutura de grupos e classes é atribuído um identificador de estrutura único (uid) e um número de versão, que são alterados quando a estrutura da árvore muda.

Se o utilizador, após importar/exportar a estrutura de classes e grupos, gravar os resultados da marcação ou exportar os resultados da marcação. Após gravar os resultados da marcação ou exportar os resultados da marcação com dados DICOM, o usuário executou as seguintes ações na estrutura de grupos as seguintes ações na estrutura de grupos:

- adicionar uma nova classe;
- alterar o grupo pai de uma classe (arrastando e soltando);
- adicionar um grupo;

- eliminação de um grupo;
- alterar o nome do grupo.

então, neste caso, a versão da árvore de grupos e classes é alterada (aumentada em 1). O identificador único da árvore (uid) não é alterado.

Se um utilizador, após importar/exportar uma árvore de classes e grupos, guardar resultados de marcação ou exportar resultados de marcação com dados DICOM, o usuário tiver executado as seguintes ações na árvore de grupos e classes

- eliminação de uma classe;
- alteração do nome da classe;
- alterar a cor dos objetos correspondentes à classe;
- alterar a propriedade da possibilidade de intersecção de cada objeto da classe em questão com outros objetos,

é gerado um novo uid da árvore de grupos e classes e a versão da árvore é reposta para o valor «1».

As árvores com o mesmo uid são compatíveis e podem ser atualizadas para a versão mais antiga (ver Secção 12.4.2). As árvores com uid diferente são incompatíveis - uma árvore só pode ser apenas ser substituída por outra (ver Secção 12.6.2).

O valor uid e o número da versão da árvore são armazenados num ficheiro json quando a árvore é exportada, exportar e guardar resultados de marcação.

12.4 Exportar e importar a árvore de grupos e classes

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

A exportação e importação permite-lhe guardar e transferir a árvore de grupos e turmas entre computadores como um ficheiro JSON. Uma árvore de grupos e classes criada por um utilizador com direitos alargados pode ser utilizada por utilizadores normais.

12.4.1 Exportar a árvore de grupos e classes

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Aviso. Esta funcionalidade está disponível para utilizadores com direitos avançados.

A exportação do estado atual da árvore de grupos e classes de objetos permite-lhe guardar num ficheiro JSON os dados sobre a árvore de grupos e classes definidos no Painel de Marcação de Imagem.

Para exportar o estado atual da árvore dos grupos e classes, clique no botão **«Exportar a árvore dos grupos e classes»** no painel de marcação de imagem. Na caixa de diálogo que se abre, selecione a localização onde pretende guardar o ficheiro com o botão e introduzir um nome de ficheiro. Clicar no botão **«Salvar»** para guardar o ficheiro, ou **«Cancelar»** para cancelar.

Em caso de erro, é apresentada uma mensagem de erro.

12.4.2 Importar a árvore de grupos e classes

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

A importação de uma árvore de grupos e classes permite-lhe carregar no Painel de Marcação de Imagens a árvore de grupos e classes a partir de um ficheiro JSON.

Para importar uma árvore de grupos e classes, clique no botão **«Importar a árvore dos grupos e classes»** no painel Marcação de imagem. Na caixa de diálogo que se abre, selecione o ficheiro JSON previamente exportado com dados de grupo e classe.

Para atualizar a árvore de grupos e classes para uma versão mais antiga, importe a árvore com uma versão superior.

O ficheiro JSON importado com os dados da árvore de grupos e classes do painel de marcação de imagem deve ser criado como resultado da operação exportar grupos e classes (ver Secção 12.4.1).

Clique no botão **«Revelar»** para importar a árvore de grupos e classes, ou no botão **«Cancelar»** para cancelar.

12.5 Seleção de objetos com contornos

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Utilize contornos para selecionar objetos em imagens DICOM. Os contornos são criados separadamente para cada imagem (corte, fase ou quadro) no separador **«Visualizador de imagens»** no modo de marcação de imagens, utilizando a ferramenta **«Objeto Roi (contorno)»**. Para selecionar um objeto utilizando um contorno, proceda da seguinte forma os passos seguintes:

1. Abrir uma série no separador **«Visualizador de imagens»**. Ativar o modo de marcação (ver Secção 12.2).

2. Se não existir uma árvore de grupos e classes no painel de marcação de imagens, é necessário importar ou criar uma.

3. No painel de marcação de imagem, na linha da classe correspondente, ative a ferramenta **«Objeto Roi (contorno)»** com o botão esquerdo, direito ou médio do rato. Para operar a ferramenta, utilize o botão com o qual a ferramenta foi ativada. Para mais detalhes sobre a gestão de ferramentas, consulte a Secção 1.14.

4. Desenhe o contorno na imagem utilizando um dos seguintes métodos:

   - **contorno manual**. Mantenha premido o botão do rato que foi utilizado para ativar a e desenhe um contorno à volta da área de interesse. Para terminar para terminar o desenho do contorno, solte o botão do rato. Para cancelar a construção para cancelar a construção de um contorno inacabado, prima a tecla **Esc** no teclado sem soltar o botão do rato;
   - **construir com a ajuda da isoline**. Deslocar o cursor sobre a zona selecionada, enquanto mantém premida a tecla **Shift** do teclado. A isolinha com a mesma densidade é apresentada sob o cursor. Uma isolinha com a mesma densidade de pontos. A isolinha é exibida apenas em imagens que podem ser contornadas. Para criar um contorno a partir de uma isolinha, clique no botão esquerdo do rato ou no botão do rato, que foi utilizado para ativar a ferramenta.

A cor do contorno corresponde à cor definida para a classe de objeto.

A criação do contorno só está disponível para a projeção ortogonal que corresponde à obtida a partir do equipamento médico.

Os contornos podem intersectar-se uns com os outros se pelo menos um deles tiver a opção **«Habilitar interseções de objetos»**. Por defeito a opção está definida. Para proibir a intersecção mútua de contornos, nos parâmetros das classes de objectos correspondentes, desmarque a opção **«Habilitar interseções de objetos»**. Se a intersecção mútua de contornos for proibida, quando terminar de criar ou editar um contorno, a sua correção é executada as áreas que se sobrepõem a outros contornos.

Ao criar ou editar um contorno, pode ser proibido o cruzamento do contorno atual com contornos já criados. A intersecção do contorno atual com contornos já desenhados. Para isso, quando se termina de desenhar ou editar o contorno atual, é necessário proibir a intersecção do contorno atual com contornos já desenhados. Quando terminar de desenhar ou editar o caminho atual, mantenha premida a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) no seu teclado. O contorno atual será eliminado das áreas que se sobrepõem a outros contornos. As áreas no caminho atual serão eliminadas.

Os contornos aninhados são considerados não sobrepostos.

12.5.1 Ações com contornos de objetos

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O DICOM Viewer permite-lhe executar as seguintes acções com contornos de objetos:

- **editar**. Mova o cursor sobre o contorno selecionado. Quando se move o cursor a linha de contorno é realçada. Clique com o botão do rato no local onde pretende e mantenha o botão do rato premido para desenhar uma nova trajetória do contorno. do contorno. Para terminar a edição do contorno, solte o botão do rato;

- **apagar um contorno**. Mover o cursor sobre a linha de contorno e premir a tecla **Delete** no teclado, ou prima o botão direito do rato e selecione **«Remover objeto»** no menu de contexto;

- **eliminar todos os contornos**. Para eliminar todos os contornos de objetos da série atual, selecione o item **«Remover todos os objetos»** no menu de contexto. Na caixa de diálogo de confirmação que se abre, clique em **«SIM»** para apagar ou em **«NÃO»** para cancelar.

12.5.2 Alterar a classe de contorno do objeto

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

A alteração da árvore de grupos e classes atual pode resultar em incompatibilidade com árvores criadas anteriormente (ver Secção 12.3.4).

Para alterar a classe de contorno de um objeto, siga estes passos:

1. Mova o cursor sobre o contorno selecionado. Quando se move o cursor, a linha de contorno é realçada.

2. Prima o botão direito do rato e selecione o item **«Classes»** no menu de contexto (Fig. 12.5). O grupo e a classe do contorno do objeto selecionado na lista pendente estão assinalados com uma bandeira.

3. Alterar a classe do contorno do objeto selecionando a classe apropriada na lista.

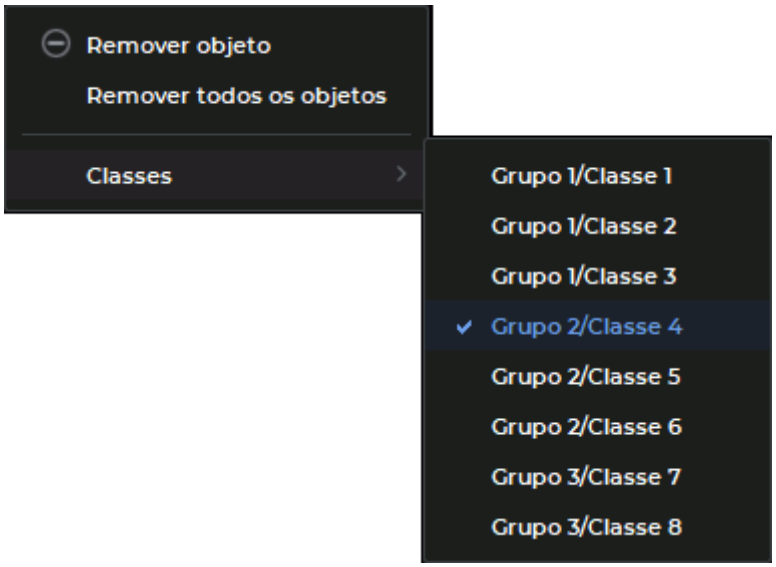


Figure 12.5: Menu de contexto do contorno do objeto

As caraterísticas da classe selecionada são aplicadas ao contorno.

12.6 Guardar e descarregar resultados de marcação

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O DICOM Viewer permite-lhe guardar os resultados da marcação de imagens num ficheiro JSON, e carregar o ficheiro com os resultados da marcação para continuar a trabalhar. Ao carregar o ficheiro os dados que contém são adicionados aos dados existentes.

12.6.1 Guardar os resultados da marcação

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para salvar os resultados da marcação de imagem, clique no botão **«Salvar resultados»** no painel Marcação de imagem. Na caixa de diálogo que se abre selecione o diretório onde pretende guardar o ficheiro com os resultados da marcação e introduza um nome para o ficheiro. Clique no botão **«Salvar»** para guardar o ficheiro ou em **«Cancelar»** para cancelar.

O salvamento é feito em um arquivo JSON contendo as seguintes informações:

- dados de grupo e classe;

- dados da imagem (identificador do estudo, identificador da série, identificador de imagem);
- dados sobre os objectos das curvas de nível.

O ficheiro guardado contém informações sobre todos os objectos rotulados para todas as séries de estudos no separador atual (para todas as séries do painel de séries do do separador atual). A gravação é efetuada sem guardar dados DICOM.

12.6.2 Descarregar os resultados da marcação

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

Para carregar resultados de marcação de imagem previamente guardados, selecione item **«Resultados da anotação de imagem aberta...»** no menu **«Arquivo»**. Na caixa de diálogo que se abre, selecione o ficheiro JSON anteriormente guardado com os resultados da anotação.

Para carregar com sucesso os resultados do particionamento, as condições devem ser cumpridas:

- o uid da árvore de grupos e classes do ficheiro JSON deve corresponder ao uid da árvore de grupos e classes carregada no programa;
- a versão da árvore de grupos e classes do ficheiro JSON deve ser inferior ou igual à versão da árvore carregada no programa;
- deve haver pelo menos uma série na memória local do DICOM Viewer, especificada no ficheiro JSON.

Se pelo menos uma das condições não for cumprida, é apresentada uma janela de diálogo com uma mensagem de erro e os resultados da marcação não são carregados.

Se a versão da árvore especificada no ficheiro JSON for mais antiga do que a versão da árvore carregada no programa, ao abrir o separador, será apresentada uma janela de diálogo e os resultados não serão carregados. No programa, ao abrir o separador com os resultados da marcação, é apresentada uma janela de diálogo com um aviso sobre a substituição da árvore.

Se não houver nenhuma parte da série especificada no ficheiro JSON no armazenamento local, então ao abrir o separador com os resultados da marcação, é apresentado um aviso.

12.7 Exportar resultados de marcação

A funcionalidade está disponível em um módulo adicional, que é ativado na edição Pro mediante o pagamento de uma taxa.

O DICOM Viewer permite-lhe exportar resultados de marcação de imagens juntamente com dados DICOM. A exportação é efetuada para uma pasta ou arquivo separado. Os dados exportados incluem:

- um ficheiro JSON denominado *ia_results.json* que contém dados sobre o grupo e a árvore de classes e objetos de contorno marcados;
- uma pasta *DICOM* com ficheiros DCM das séries em cujas imagens os objetos foram marcados e o ficheiro DICOMDIR.

Para exportar os resultados da marcação de imagens, execute:

1. Clique no botão **«Exportar resultados com DICOM»** no painel de marcação de imagens.
2. Na caixa de diálogo **«Resultados da anotação de imagem de exportação com DICOM»** (Fig. 12.6), no campo **«Folder name»**, introduza o nome da pasta para os resultados exportados.

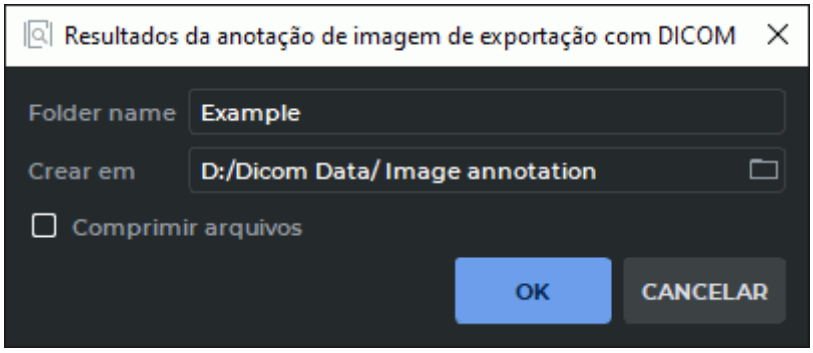


Figure 12.6: Diálogo para exportar resultados de marcação de imagens com DICOM

3. No campo **«Crear em»**, especifique o caminho existente para a pasta de exportação ou clique no botão da pasta para selecionar uma pasta na caixa de diálogo de seleção de pastas. Se for introduzido um caminho inexistente, será apresentada uma mensagem de erro quando clicar no botão **«OK»** É apresentada uma mensagem de erro.
4. Para comprimir os dados exportados, selecione a opção **«Comprimir arquivos»**. Neste caso, o nome do campo **«Folder name»** muda para **«Nome de arquivo»**. Os dados são exportados para o arquivo zip cujo nome é especificado no campo **«Nome de arquivo»**. Por defeito, o sinaliza-dor **«Comprimir arquivos»** não está definido.

Clique em **«OK»** para exportar os resultados da marcação ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

Chapter 13

Rede

Para evitar o vazamento de dados pessoais durante sua transmissão pela rede, é necessário utilizar canais de comunicação seguros.

13.1 Serviços

13.1.1 Serviço DICOM (funcionalidade do servidor PACS))

O DICOM Viewer pode atuar como um servidor PACS. Os clientes terão acesso aos dados armazenados no repositório local. Para fazer isso, você precisa habilitar e configurar o serviço DICOM e adicionar clientes à lista de servidores PACS (Seção 13.2).

Selecione **«Serviços»** no menu **«Rede»**. No menu pendente, selecione o item **«Serviço DICOM...»**. A caixa de diálogo de configuração do DICOM para receber arquivos é mostrada na Fig. 13.1.

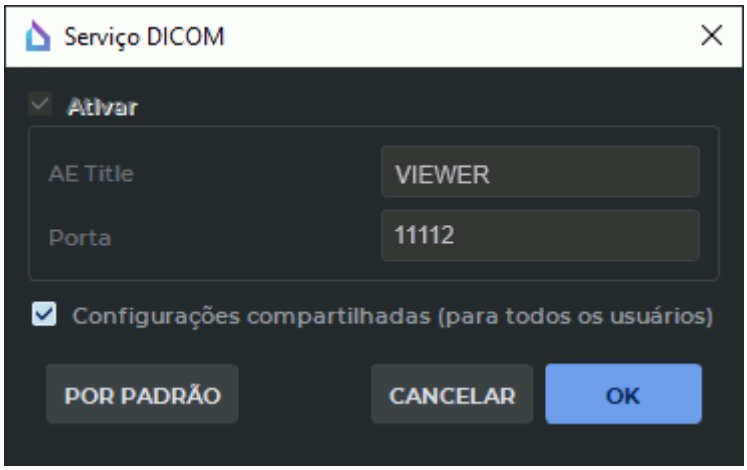


Figure 13.1: Caixa de Diálogo «Serviço DICOM»

Para configurar o serviço DICOM, faça o seguinte:

1. Para ativar o serviço de recebimento de arquivos DICOM, defina a opção **«Ativar»**.

2. No campo **«AE Title»**, insira um nome arbitrário do computador no qual o DICOM Viewer está instalado para identificá-lo no servidor. O comprimento do valor AE Title não deve exceder 16 caracteres. Caracteres cirílicos e o sinal «\» no valor do AE Title não são permitidos.

3. No campo **«Porta»** abaixo do campo **«AE Title»**, digite qualquer porta desocupada no computador onde o DICOM Viewer está instalado. Se você não souber qual valor especificar, deixe o valor padrão. Essas informações podem ser obtidas com o administrador do sistema.

4. Para restaurar as configurações de serviço padrão, clique no botão **«POR PADRÃO»**.

5. Para definir as configurações atuais para todos os usuários deste computador, marque a opção **«Configurações compartilhadas (para todos os usuários)»**. Isso requer que o DICOM Viewer seja executado como um usuário com direitos de administrador, caso contrário não é possível alterar o valor da opção. Os usuários que não são administradores não podem marcar ou desmarcar a opção. Nesse caso, uma mensagem informativa é exibida.

6. Clique em **«OK»** para aplicar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelar. Se a porta estiver ocupada, uma mensagem informativa será exibida. Nesse caso, selecione uma porta diferente.

13.1.2 Serviço HIS/HTTP

Este serviço é usado para gerenciar o DICOM Viewer usando o protocolo http.

Selecione **«Serviços»** no menu **«Rede»**. No menu pendente, selecione o item **«Serviço HIS/HTTP...»**. A caixa de diálogo é mostrada na Fig. 13.2

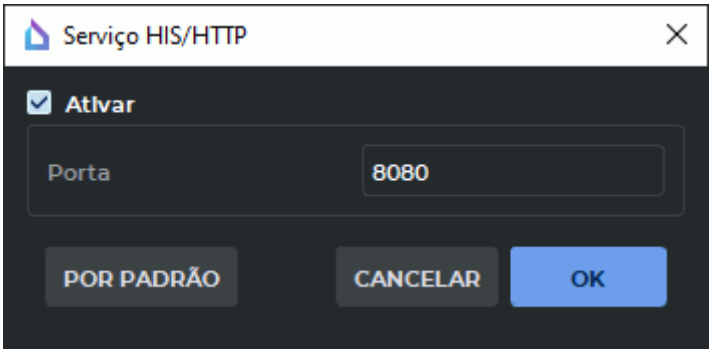


Figure 13.2: Caixa de Diálogo «Serviço HIS/HTTP»

Para configurar o serviço, siga os seguintes passos:

1. Para ativar o serviço HIS/HTTP, marque a opção **«Ativar»**.

2. No campo **«Porta»**, insira qualquer porta não utilizada do computador no qual o DICOM Viewer está instalado. Se você não souber qual valor especificar, deixe o valor padrão. A porta padrão é 8080. Entre em contato com o administrador do sistema para obter essas informações.

3. Para restabelecer as configurações padrão, clique no botão **«POR PADRÃO»**. Por padrão, a opção **«Ativar»** é removida e a porta 8080 é usada.

4. Clique em **«OK»** para aplicar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelar. Se a porta estiver ocupada, uma mensagem informativa será exibida. Nesse caso, selecione uma porta diferente.

13.1.3 Acesso à web

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Selecione **«Serviços»** no menu **«Rede»**. No menu pendente, selecione o item **«Serviço Web...»**. A caixa de diálogo é mostrada na Fig. 13.3

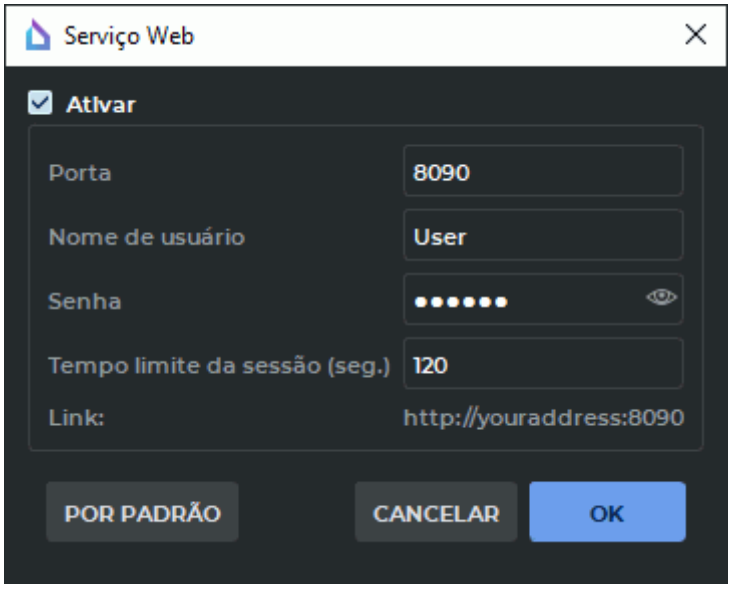


Figure 13.3: Caixa de Diálogo «Serviço Web»

Siga estas etapas para configurar o acesso à web:

1. Para ativar o serviço da web, defina a opção **«Ativar»**.

2. No campo **«Porta»**, insira qualquer porta desocupada no computador onde o DICOM Viewer está instalado. Se você não souber qual valor especificar, deixe o valor padrão. A porta padrão é 8090. Para acessar de outros computadores, adicione a porta de serviço da Web às exceções do firewall. Se necessário, entre em contato com o administrador do sistema.

3. Insira o nome de usuário no campo **«Nome de usuário»**.

4. No campo **«Senha»**, digite a senha do usuário.

5. No campo **«Tempo limite da sessão (seg.)»**, insira o tempo limite após o qual a sessão será encerrada se não houver conexão. Depois que a conexão for restabelecida, o nome de usuário e a senha devem ser inseridos novamente.

6. Para redefinir as configurações por padrão, clique no botão **«POR PADRÃO»**. Por padrão, a opção **«Ativar»** é removida e a porta 8090 é usada.

7. Clique em **«OK»** para aplicar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

Na parte inferior do bloco existe um link que deve ser inserido no navegador para acesso web ao navegador do DICOM Viewer na forma *http://youraddress:<porta>*, onde ao invés de *youraddress* você deve substituir pelo endereço IP ou o nome do computador no qual o DICOM Viewer está instalado.

13.1.4 Serviço DICOM seguro de recebimento de arquivos

O serviço seguro de recebimento de arquivos DICOM fornece transferência segura de dados pela rede usando o protocolo TLS.

O serviço de recebimento de arquivo DICOM protegido e o serviço de recebimento de arquivo DICOM aberto podem ser executados em paralelo em portas diferentes.

Selecione **«Serviços»** no menu **«Rede»**. No menu pendente, selecione o item **«Serviço DICOM seguro...»**. A caixa de diálogo de configurações do serviço é mostrada na Fig. 13.4

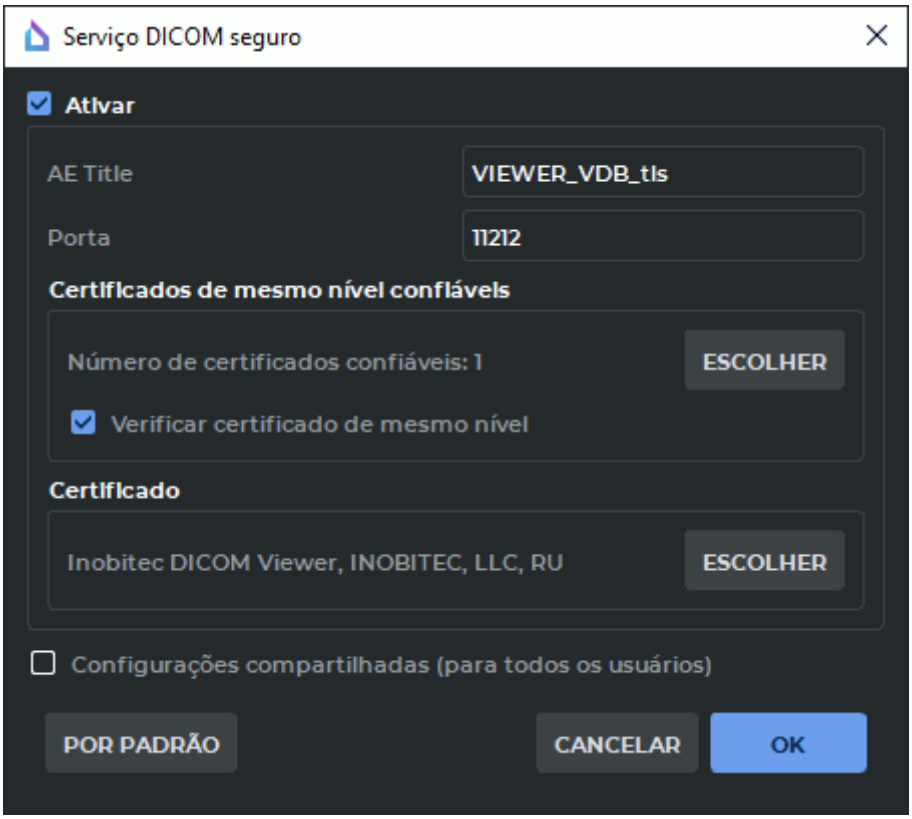


Figure 13.4: Caixa de diálogo «Serviço DICOM seguro»

Para configurar o serviço, siga os seguintes passos:

1. Para ativar o serviço DICOM seguro, defina a opção **«Ativar»**.

2. No campo **«AE Title»**, insira um nome arbitrário do computador no qual o DICOM Viewer está instalado, para identificação no servidor. O comprimento do valor do AE Title não deve exceder 16 caracteres. Caracteres cirílicos e o sinal «\» no significado de Título AE não são permitidos.

3. No campo **«Porta»**, digite qualquer porta desocupada no computador onde o DICOM Viewer está instalado. O número da porta deve ser diferente dos valores definidos para outros serviços (Serviço Web, Serviço HIS/HTTP, Serviço DICOM). A porta padrão é 3100.

4. Na área **«Certificados de mesmo nível confiáveis»**, é criada uma lista de certificados confiáveis (raiz) do serviço DICOM. Por padrão, a lista de certificados está vazia.

   Um certificado confiável (certificado raiz) é um certificado de chave pública assinado pelo certificado de um par, garantindo que o par (o host na outra extremidade da conexão) seja quem afirma ser.

   Para criar uma lista de certificados confiáveis, clique no botão **«ESCOLHER»**. Na caixa de diálogo **«Certificados de mesmo nível confiáveis»** (Fig. 13.5)), uma lista de certificados confiáveis é especificada.

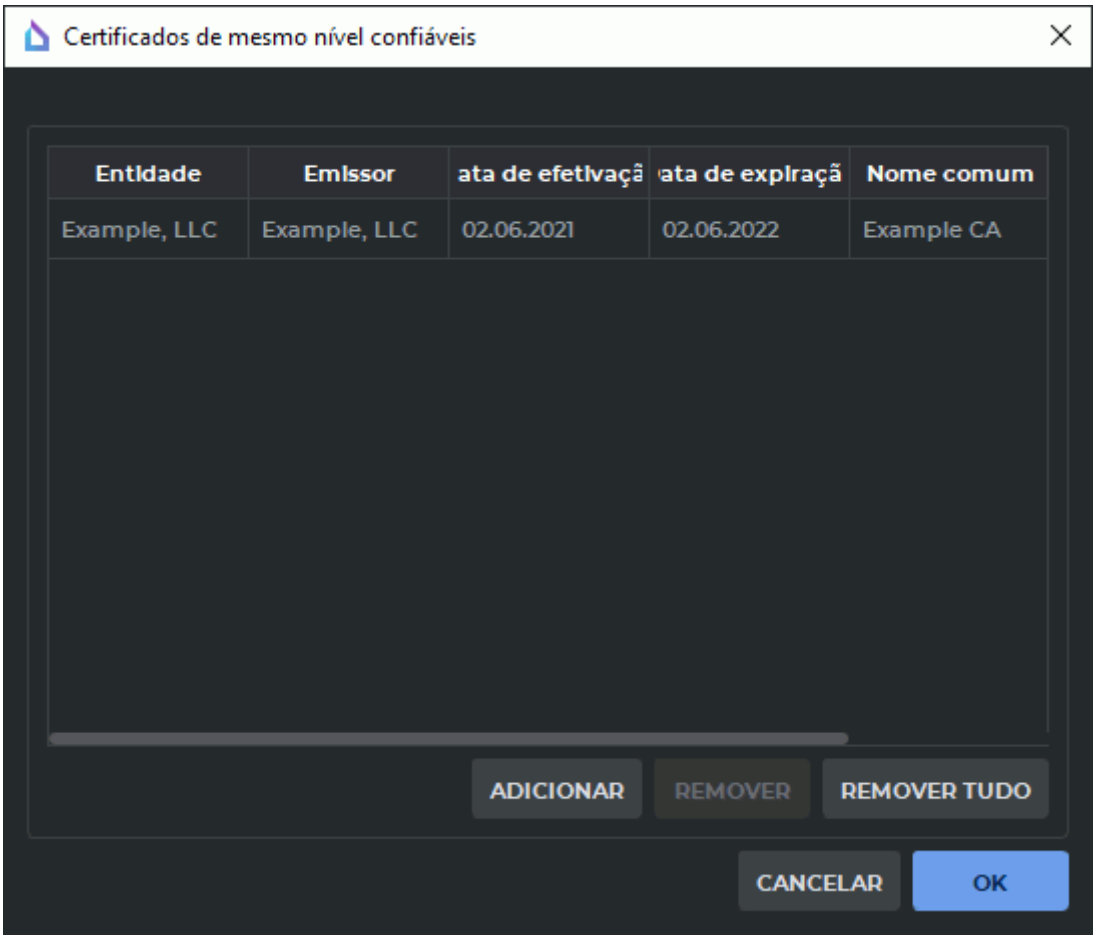


Figure 13.5: Caixa de Diálogo «Certificados de mesmo nível confiáveis»

Para adicionar um certificado, clique no botão **«ADICIONAR»**. Na caixa de diálogo de arquivo que se abre, selecione o arquivo de certificado. Os arquivos de certificado devem ter uma extensão (pem, crt ou cer).

Em nosso exemplo na Fig. 13.5, o arquivo `<<root_Example.crt>>` é adicionado à lista de certificados confiáveis, que é o certificado raiz do servidor.

Se o certificado que você está tentando adicionar já estiver na lista, uma mensagem informativa será exibida.

Para remover um certificado da lista, selecione a linha apropriada e clique no botão **«REMOVER»**. Para limpar completamente a lista de certificados confiáveis, clique no botão **«REMOVER TUDO»**.

Clique em **«OK»** para aplicar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

Os certificados confiáveis adicionados à lista são salvos no registro do sistema operacional ou no arquivo de configuração como dados binários. Depois de salvar as configurações, a presença de arquivos de certificado no disco é opcional.

Para ativar a verificação de certificados de clientes conectados, defina a caixa de seleção **«Verificar certificado de mesmo nível»**. Nesse caso, ao estabelecer uma conexão

segura com o serviço DICOM, o cliente é autenticado. Para uma autenticação bem-sucedida, o certificado do cliente deve ser assinado por um dos certificados de serviço DICOM válidos. Se a opção **«Verificar certificado de mesmo nível»** for apagado, o serviço protegido por DICOM aceitará solicitações de qualquer cliente.

5. Na área **«Certificado»**, são especificados os caminhos para os arquivos do certificado de chave pública e a chave privada do serviço DICOM para recebimento de arquivos. Por padrão, os caminhos não são definidos.

   Certificado de chave pública: um documento eletrônico contendo a chave pública, informações sobre o proprietário da chave, o escopo da chave, assinado pela Autoridade Certificadora que a emitiu e confirmando que o proprietário é o proprietário da chave pública.

   A chave pública está disponível para todos. Usado para criptografar dados quando o cliente entra em contato com o servidor.

   A chave privada é armazenada no servidor. Usado para descriptografar dados recebidos do cliente.

   Para adicionar os caminhos ao arquivo de certificado de chave pública e ao arquivo de chave privada, clique no botão **«ESCOLHER»**.

   Para adicionar os caminhos para o arquivo de certificado de chave pública e o arquivo de chave privada, clique no botão **«NAVEGAÇÃO»** na caixa de diálogo **«Certificado e chave privada»** (Fig. 13.6). Selecione os arquivos na caixa de diálogo aberta. O arquivo de certificado de chave pública deve ter uma extensão (pem, crt ou cer). O arquivo de chave privada deve ter a extensão (key).

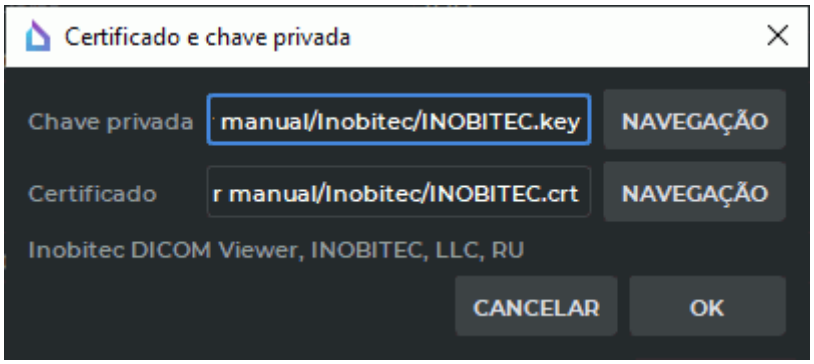


Figure 13.6: Caixa de diálogo «Certificado e chave privada»

   Em nosso exemplo na Fig. 13.6 adicionar os caminhos ao arquivo de chave privada do cliente `<<INOBITEC.key>>` e ao arquivo de certificado de chave pública do cliente `<<INOBITEC.crt>>`.

   A parte inferior da caixa de diálogo **«Certificado e chave privada»** exibe o status de verificação da chave pública e do certificado de chave privada. Possíveis opções para o valor do status do cheque:

   - **«Não há certificado»** — caminho para o arquivo de certificado de chave pública não está definido;

- **«Não há chave privada»** — o caminho para o arquivo de chave privada não está definido;
- **«Certificado incorreto»** — foi especificado um caminho incorreto / foi especificado um caminho para um arquivo inexistente / o arquivo localizado no caminho especificado está danificado ou não contém o certificado de chave pública correto;
- **«Chave privada incorreta»** — um caminho incorreto é especificado / um caminho para um arquivo inexistente é especificado / o arquivo localizado no caminho especificado está danificado;
- informações no formato **<Nome do certificado>**, **<Nome da organização>**, **<Abreviação do país>** — o certificado de chave pública e a chave privada corretos são especificados .

Atenção! O arquivo de certificado de chave pública não é verificado em relação à chave privada na caixa de diálogo «Certificado e chave privada».

O botão **«OK»** é ativado após inserir corretamente os caminhos do arquivo de certificado da chave pública e da chave privada. Clique em **«OK»** para aplicar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

6. Para definir as configurações atuais para todos os usuários deste computador, marque a opção **«Configurações compartilhadas (para todos os usuários)»**. Isso requer que o DICOM Viewer seja executado como um usuário com direitos de administrador, caso contrário não é possível alterar o valor da opção. Os usuários que não são administradores não podem marcar ou desmarcar a opção. Nesse caso, uma mensagem informativa é exibida.

7. Para redefinir as configurações por padrão, clique no botão **«POR PADRÃO»**.

8. Clique em **«OK»** para aplicar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

13.2 Configurando uma conexão com servidores PACS

Esta janela é usada para configurar conexões com aplicativos com os quais os dados podem ser trocados através do protocolo DICOM. O DICOM Viewer, neste caso, pode atuar como um servidor PACS, então outros aplicativos serão clientes e vice-versa. Como a maioria das aplicações com as quais se pode estabelecer conexão podem atuar como servidor PACS, a conexão com elas é configurada nesta janela, independentemente de serem servidores ou clientes em relação ao DICOM Viewer.

Para abrir uma janela para configurar uma conexão com servidores PACS, selecione o menu **«Rede»** e o item **«Lista de servidores»** ou pressione a combinação de teclas **Ctrl+S** (ou teclas **Command+S** para o macOS). Aparece a caixa de diálogo mostrada na Fig. 13.7.

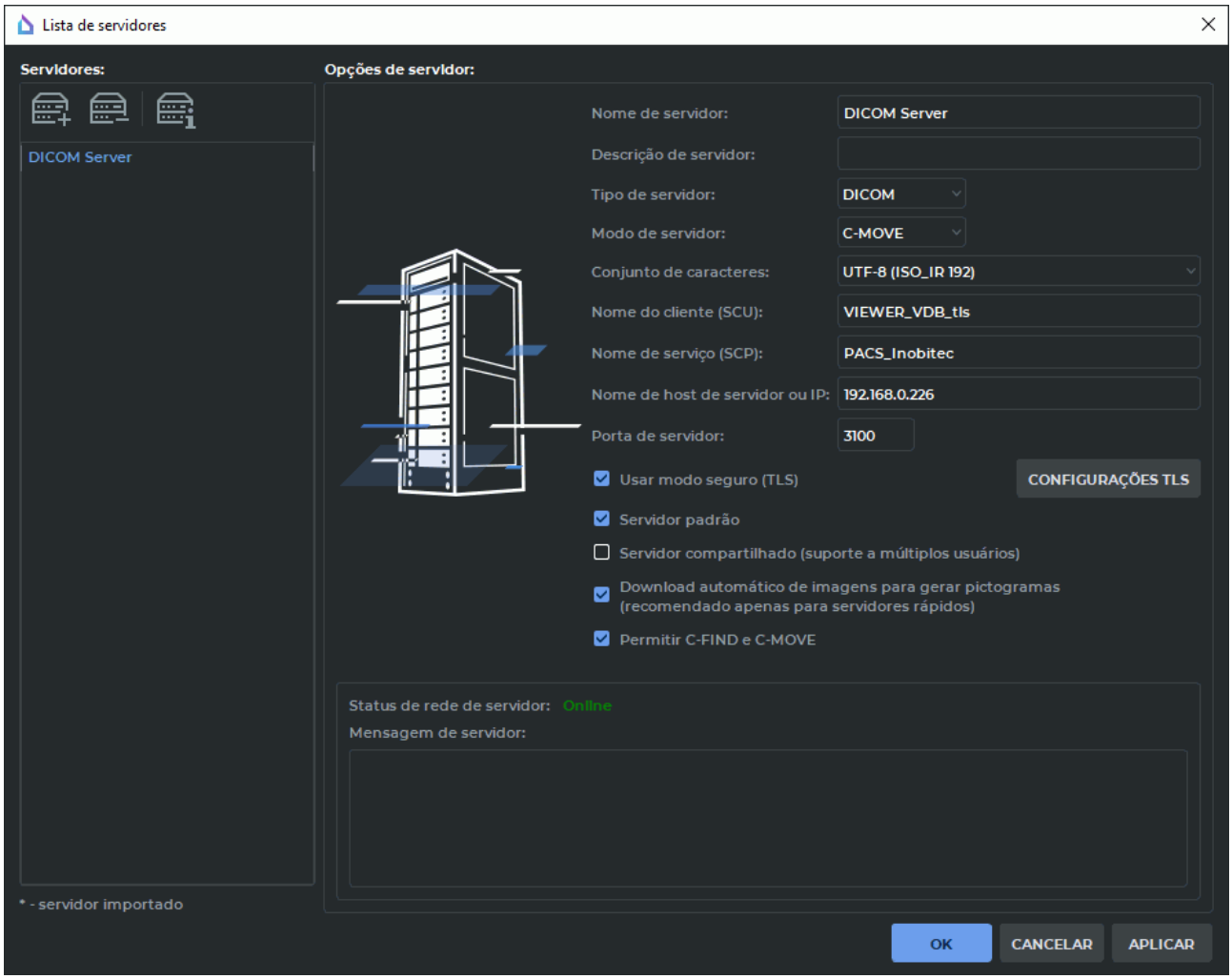


Figure 13.7: Caixa de diálogo para configurar a conexão com servidores PACS

O DICOM Viewer permite que você baixe várias séries do servidor PACS ao mesmo tempo, fazendo várias conexões paralelas com o servidor. No entanto, nem todos os servidores suportam um grande número de conexões simultâneas e isso leva a erros ao carregar os dados. A limitação do número máximo de conexões é descrita na Seção 16.7.5. Essa configuração se aplica a todos os servidores PACS.

13.2.1 Adicionando um novo servidor PACS

Para adicionar um novo servidor PACS, faça o seguinte:

1. Clique no botão .
2. No campo **«Nome de servidor»**, digite o nome do servidor.
3. Adicione um comentário no campo **«Descrição de servidor»**. Este campo pode permanecer vazio.

4. Selecione **«DICOM»** na lista pendente **«Tipo de servidor»**.

5. Na lista pendente **«Modo de servidor»**, selecione o modo desejado.

6. Na lista pendente **«Conjunto de caracteres»**, selecione a codificação suportada pelo servidor.

7. No campo **«Nome do cliente (SCU)»**), insira o valor especificado no campo **«AE Title»** na Seção 13.1.1.

8. No campo **«Nome de serviço (SCP)»**), o nome do servidor no qual o servidor PACS está instalado.

9. No campo **«Nome de host de servidor ou IP»**, digite o nome da rede do servidor ou seu endereço IP.

10. No campo **«Porta de servidor»**, a porta do servidor para receber conexões por meio do protocolo **«DICOM»**.

11. Para criar uma conexão segura, marque a opção **«Usar modo seguro (TLS)»**. Informações detalhadas na Seção 13.2.3.

12. Para salvar as informações sem fechar a janela, clique no botão **«APLICAR»**.

13. Para salvar as informações e fechar a janela, clique no botão **«OK»**.

14. 14. Para fechar a janela sem salvar as alterações, clique no botão **«CANCELAR»**.

As informações necessárias podem ser obtidas com o administrador do sistema.

Outros servidores PACS são adicionados da mesma maneira.

Se houver vários servidores na lista, você pode atribuir um servidor que esteja ativo por padrão ao iniciar o DICOM Viewer. Para fazer isso, nas configurações de conexão com o servidor, marque a opção **«Servidor padrão»**. Se outro servidor foi atribuído anteriormente por padrão, essa opção é removida.

Se este servidor também for um cliente em relação a o DICOM Viewer, você deve permitir que ele troque dados. Para fazer isso, marque a opção **«Permitir C-FIND e C-MOVE»**. Configure o aplicativo cliente de acordo com o manual deste aplicativo. A configuração de uma conexão usando o exemplo de dois aplicativos «Inobitec DICOM Viewer» é descrita na Seção 13.2.5.

Para que o servidor esteja disponível para todos os usuários deste computador, é necessário marcar a opção **«Servidor compartilhado (suporte a múltiplos usuários)»**. Isso requer que DICOM Viewer seja iniciado como um usuário com direitos de administrador, caso contrário, a opção não estará disponível. Os usuários que não são administradores não podem alterar as configurações do servidor compartilhado ou excluí-lo.

Para remover um servidor da lista, clique no botão .

Atenção: após clicar neste botão, é impossível cancelar a exclusão.

13.2.2 Descarregar dados do servidor PACS através do serviço O WADO

O DICOM Viewer permite-lhe descarregar estudos e séries individuais do servidor PACS através do serviço **WADO** Web. A procura de estudos no servidor PACS é efetuada pelo com o comando C-FIND.

Para configurar o acesso ao servidor PACS através do serviço WADO (Fig. 13.7) selecione o elemento **«WADO-RS»** na lista pendente **«Modo de servidor»**. Ao selecionar o modo WADO-RS, é apresentada a caixa de diálogo **«WADO settings»** (Fig. 13.8).

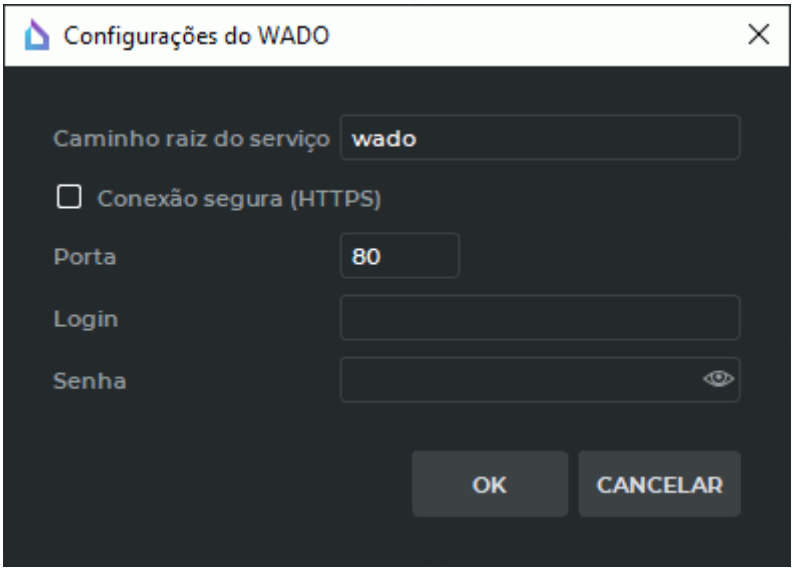


Figure 13.8: Caixa de Diálogo «WADO settings»

Configurar a ligação do serviço:

- no campo **«Caminho raiz do serviço»** introduzir o caminho para o serviço interno do servidor PACS, que processa os pedidos WADO-RS. Por defeito, o campo está vazio;
- a bandeira **«Conexão segura (HTTPS)»**)) ativa/desativa o protocolo https para a troca de dados com o servidor PACS quando se descarregam dados utilizando o serviço WADO. Por defeito, o sinalizador está desmarcado. Se o sinalizador estiver definido, o protocolo https é utilizado para trocar dados com o servidor PACS quando se descarregam dados utilizando o serviço WADO se estiver desmarcado — protocolo http;
- no campo **«Porta»** introduzir o valor de http- ou https-port (consoante o estado da bandeira **«Conexão segura (HTTPS)»**) no intervalo de 1 a 65535. Por defeito o valor da porta é 80. Se for introduzido um valor inválido, o botão **«OK»** não está disponível;
- os campos **«Login»** e **«Senha»**, introduza os dados de ligação ao servidor PACS. Por defeito, não são definidos quaisquer dados.

Clique em **«OK»** para aplicar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

Para alterar as definições atuais de ligação do serviço WADO, clique no botão **«CONFIGURAÇÕES»** ao lado da lista pendente **«Modo de servidor»** na caixa de diálogo **«Lista de servidores»** (Fig. 13.7).

As definições do serviço WADO podem ser exportadas e importadas (ver Secção 16.9). Os dados de ligação ao servidor PACS (login e password) não são guardados durante a exportação.

13.2.3 Conexão segura ao servidor PACS usando o protocolo TLSS

Ao executar em um PC o DICOM Viewer versão até 2.4 inclusive, todos os parâmetros TLS serão redefinidos.

Por padrão, o AE Title de uma conexão segura usando o protocolo TLS é igual ao AE Title de uma conexão aberta e é recomendável alterá-lo na janela de configurações. O serviço de conexão segura sob o protocolo TLS e a conexão aberta podem funcionar em paralelo em diferentes portas.

Para ativar o modo de conexão segura, defina a opção **«Usar modo seguro (TLS)»** nos parâmetros do servidor (Fig. 13.7). Definir a opção ativa o botão para definir o modo protegido **«CONFIGURAÇÕES TLS»**.

Caixa de diálogo **«Configurações TLS»** é mostrada na Fig. 13.9.

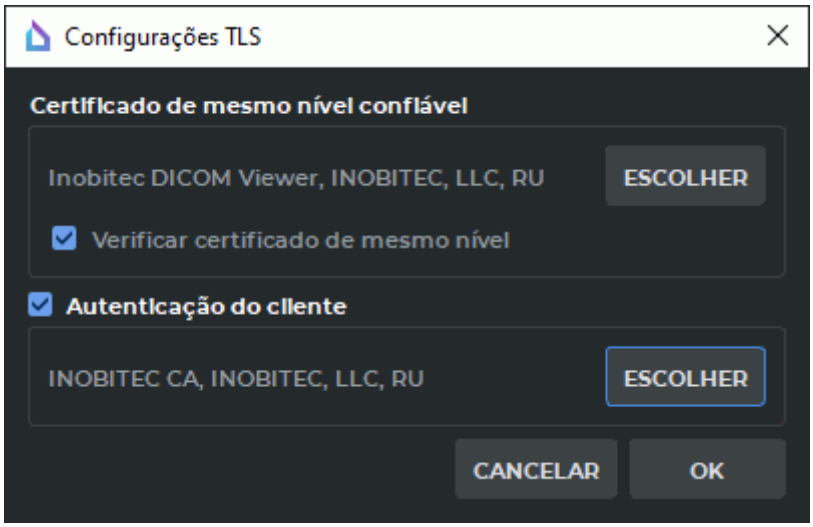


Figure 13.9: Caixa de Diálogo «Configurações TLS»

Para adicionar um certificado de parceiro confiável, clique no botão **«ESCOLHER»**. Na caixa de diálogo que se abre, selecione o arquivo do certificado confiável (raiz) do servidor PACS. O arquivo do certificado confiável (raiz) do servidor PACS deve ter a extensão (pem, crt ou cer).

Em nosso exemplo, o arquivo de certificado raiz do servidor `<<root_Example.crt>>` é adicionado.

Para ativar a verificação de um certificado confiável (raiz) ao conectar-se a um servidor PACS, marque a opção **«Verificar certificado de mesmo nível»**. Definir a opção leva à autenticação do servidor PACS quando uma conexão é estabelecida. Para uma autenticação bem-sucedida, o certificado do servidor PACS deve ser assinado por um certificado confiável.

O programa verifica automaticamente um certificado válido no arquivo. Se o arquivo estiver corrompido ou não contiver um certificado, uma mensagem informativa será exibida.

Se for selecionado um arquivo contendo um certificado válido, na área **«Verificar certificado de mesmo nível»** as informações serão exibidas no seguinte formato: **<Nome do certificado>,<Nome da organização>, <Abreviação do país>**.

Se o modo de verificação de certificado de parceiro estiver definido no servidor PACS, a autenticação do cliente será necessária para conectar. Defina a opção **«Autenticação do cliente»** e clique no botão **«ESCOLHER»**.

Na caixa de diálogo **«Certificado e chave privada»** (Fig. 13.10), os caminhos para o arquivo de certificado de chave pública e o arquivo de chave privada são especificados.

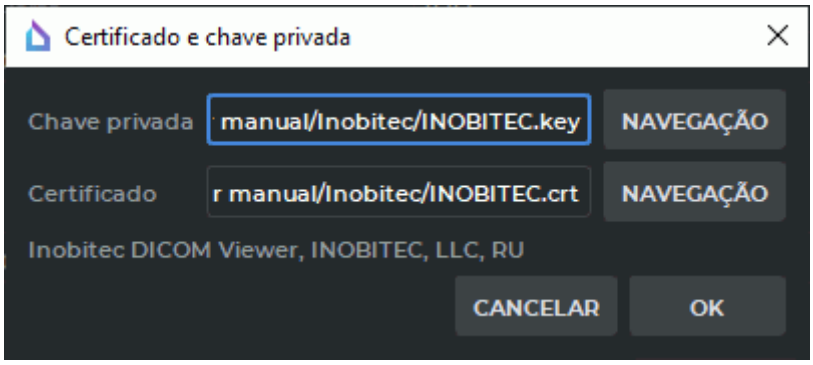


Figure 13.10: Caixa de Diálogo «Certificado e chave privada»

Para adicionar os caminhos ao arquivo de certificado de chave pública e ao arquivo de chave privada, clique no botão **«NAVEGAÇÃO»**. Selecione os arquivos na caixa de diálogo aberta. O arquivo de certificado de chave pública deve ter uma extensão (pem, crt ou cer). O arquivo de chave privada deve ter a extensão (key).

Em nosso exemplo na Fig. 13.10, os caminhos para o arquivo de chave privada do cliente `<<INOBITEC.key>>` e para o arquivo de certificado de chave pública do cliente `<<INOBITEC.crt>>` são adicionados.

A caixa de diálogo **«Certificado e chave privada»** exibe o status de verificação da chave pública e do certificado de chave privada. Possíveis opções para o valor do status da verificação:

- **«Não há certificado»** — o caminho para o arquivo de certificado de chave pública não está definido;
- **«Não há chave privada»** — o caminho para o arquivo de chave privada não está definido;
- **«Certificado incorreto»** — foi especificado um caminho incorreto / foi especificado um caminho para um arquivo inexistente / o arquivo localizado no caminho especificado está danificado ou não contém o certificado de chave pública correto;
- **«Chave privada incorreta»** — foi especificado um caminho incorreto / foi especificado um caminho para um arquivo inexistente / o arquivo localizado no caminho especificado está corrompido;
- informações no formato **<Nome do certificado>**, **<Nome da organização>**, **<Abreviação do país>** — o certificado de chave pública e a chave privada corretos estão especificados.

Atenção! A caixa de diálogo «Certificado e chave privada» não verifica se o arquivo de certificado de chave pública corresponde à chave privada.

O botão **«OK»** é ativado após inserir corretamente os caminhos do arquivo de certificado da chave pública e da chave privada. Clique em **«OK»** para aplicar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelar.

13.2.4 Verificando a disponibilidade do servidor PACS

Para verificar se o servidor está disponível, clique no botão na janela de conexão com os servidores PACS. Se o servidor estiver disponível, aparecerá a mensagem **«Status de rede de servidor: Online»**.

Caso contrário, a mensagem **«Status de rede de servidor: Offline»** é exibida. Abaixo estão as informações detalhadas sobre o erro, por exemplo

Servidor não está disponível.
Solicitação de conexão falhou.
Failed to establish association
0006:0317 Peer aborted Association (or never connected)
0006:031c TCP Initialization Error: No error

Nesse caso, provavelmente, os campos **«Nome de host de servidor ou IP»** e **«Porta de servidor»** estão preenchidos incorretamente ou o servidor PACS ao qual você está se conectando não está em execução.

13.2.5 Configurando uma conexão usando o exemplo de dois aplicativos Inobitec DICOM Viewer

Por exemplo, o DICOM Viewer Nº1 actua como servidor PACS e o DICOM Viewer Nº2 actua como cliente.

As definições seguintes são definidas na unidade com o DICOM Viewer Nº1:

- **AE Title**: VIEWER-SERVER;
- **IP**: 192.168.1.101;
- **Porta**: 3001.

As definições seguintes são definidas na unidade com o DICOM Viewer Nº2:

- **AE Title**: VIEWER-CLIENT;
- **IP**: 192.168.1.102;
- **Porta**: 3002.

Siga estas etapas para configurar o servidor:

1. Habilite e configure o serviço DICOM (seção 13.1.1) configurando o campo **«AE Title»** para «VIEWER-SERVER» e o campo **«Porta»** para 3001.

2. Adicione um cliente na janela de configurações de conexão do servidor PACS (seção 13.2.1). Defina os seguintes valores:

   - no campo **«Tipo de servidor»** — DICOM;
   - no campo **«Modo de servidor»** — C-MOVE;
   - no campo **«Nome do cliente (SCU)»** — VIEWER-SERVER;
   - no campo **«Nome de serviço (SCP)»** — VIEWER-CLIENT;
   - no campo **«Nome de host de servidor ou IP»** — 192.168.1.102;
   - no campo **«Porta de servidor»** — 3002;
   - marque a opção **«Permitir C-FIND e C-MOVE»**.

   O DICOM Viewer Nº1 agora está pronto para aceitar conexões de entrada de um cliente com AE Title = VIEWER-CLIENT, IP = 192.168.1.102 e porta 3002.

Siga estas etapas para configurar o cliente:

Adicione um servidor na janela de configurações de conexão do servidor PACS (Seção 13.2.1). Defina os seguintes valores:

- no campo **«Tipo de servidor»** — DICOM;
- no campo **«Modo de servidor»** — C-MOVE;
- no campo **«Nome do cliente (SCU)»** — VIEWER-CLIENT;
- no campo **«Nome de serviço (SCP)»** — VIEWER-SERVER;
- no campo **«Nome de host de servidor ou IP»** — 192.168.1.101;
- no campo **«Porta de servidor»** — 3001.

Agora O DICOM Viewer Nº2 está pronto para se conectar ao servidor com AE Title = VIEWER-SERVER, IP = 192.168.0.101 e porta 3001.

Se nas configurações o DICOM Viewer Nº2 você ativar e configurar o serviço DICOM e definir a opção **«Permitir C-FIND e C-MOVE»** para o servidor VIEWER-SERVER, então o DICOM Viewer Nº2 poderá atuar como servidor e o DICOM Viewer Nº1, como cliente. Assim, o DICOM Viewer pode atuar como cliente e servidor ao mesmo tempo.

13.3 Status de operações de rede

As operações de rede são a transmissão e recepção de informações entre o DICOM Viewer e os servidores PACS.

Para visualizar o status das operações de rede, selecione o menu **«Rede»** e selecione **«Status de rede...»**.

A janela contém três abas: **«Download»**, **«Upload»**, **«Histórico»**. As abas **«Download»** e **«Upload»** exibem filas de análises baixados do servidor PACS ou enviados para o servidor PACS, respectivamente.

Se os dados estiverem sendo transferidos no momento, a fila de pesquisa é exibida na aba correspondente (Fig. 13.11). As análises que estão no topo da lista são processadas primeiro.

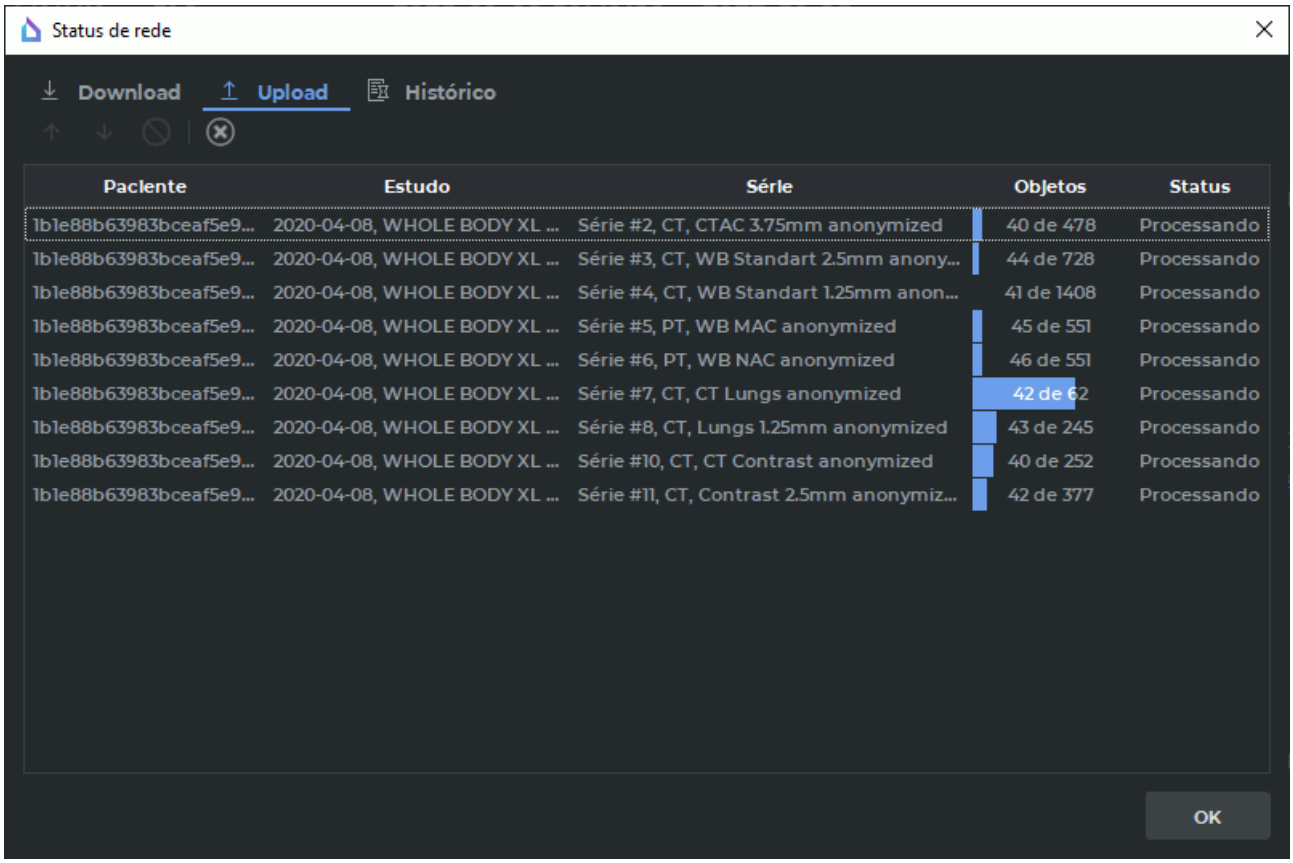


Figure 13.11: Fila de análises enviada ao servidor PACS

O trabalho com as abas **«Download»** e **«Upload»** é o mesmo.
Você pode executar as seguintes ações com uma análise (depois de selecioná-la):

- mudar a posição na fila pressionando o botão ↑ ou ↓ para subir ou descer de acordo;
- cancelar o processamento desta análise clicando no botão ⊘. Nesse caso, no servidor existe apenas aquela parte da informação que conseguiu baixar.

Para limpar a fila, pressione o botão ⊗. Nesse caso, as análises, inclusive a que está em processamento, são removidas da lista e seu processamento é interrompido. Se a análise já estiver sendo processada (status **«Processando»)**, não será possível alterar sua posição na fila.

A aba **«Histórico»** na parte superior exibe uma lista de análises que foram transferidas, recebidas ou canceladas. Na parte inferior, há uma lista de análises que não foram transferidas.

Chapter 14

Armazenamento Local

O armazenamento é uma pasta em um disco de computador onde os dados DICOM são armazenados.

Os dados no repositório local podem ser perdidos devido a danos no disco rígido, má conduta do usuário ou programas de terceiros. Faça backup de seus dados para evitar perdas.

14.1 Visualização do status do armazenamento

Para visualizar o status do armazenamento, selecione o menu **«Armazenamento»** e o item **«Status de armazenamento...»**. A janela é mostrada na Fig. 14.1.

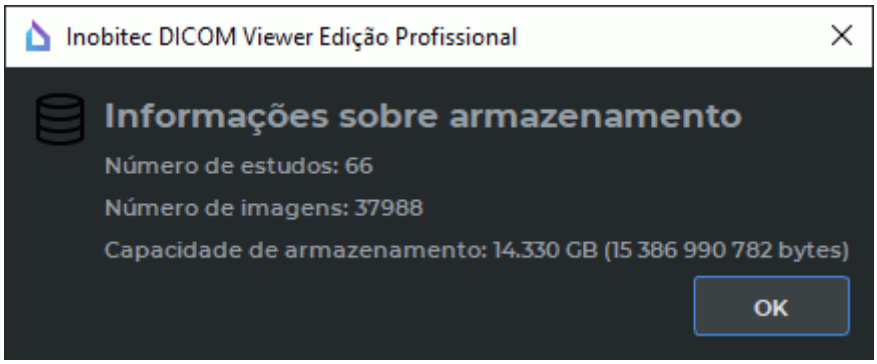


Figure 14.1: Informações sobre o armazenamento

A janela contém informações sobre o número de análises colocados no repositório; o número total de imagens contidas em todas as análises e a quantidade de informações armazenadas, em gigabytes e bytes.

14.2 Verificação de armazenamento

Para verificar o armazenamento, selecione o menu **«Armazenamento»** e o item **«Verificar armazenamento...»**. A verificação determina se todas as imagens relacionadas aos exames estão no repositório. Durante a verificação, seu progresso é exibido na tela e é indicado quantos por cento do trabalho foi concluído.

Se todos os arquivos de pesquisa estiverem presentes no repositório, a mensagem **«Todos os arquivos no armazenamento são válidos.»** aparecerá.

Se algum arquivo estiver faltando no repositório, aparecerá um aviso parecido com **«10 arquivo perdido é encontrado no armazenamento local. Por favor, tente novamente baixar o estudo.»**. Neste caso, para a exibição normal de todas as imagens, é necessário carregar novamente todas as análises para o repositório. Para limpar o repositório, siga as etapas descritas no próximo parágrafo.

14.3 Limpando o armazenamento

Para limpar o repositório, selecione o menu **«Armazenamento»** e no item **«Limpar armazenamento...»**. DICOM Viewer solicitará sua confirmação para limpar o repositório:**«Todos os estudos locais serão excluídos. Você realmente deseja limpar armazenamento local?»**. Para limpar o repositório, clique no botão **«SIM»**. Para cancelar a limpeza, clique no botão **«NÃO»**. Depois de limpar o repositório, clique no botão **«OK»** na janela que exibe o progresso da limpeza.

14.4 Limpeza automática de armazenamento

A limpeza automática é realizada nos seguintes intervalos:

- Cada vez;
- Uma vez por dia;
- Uma vez por semana;
- Uma vez por mês.

Para ativar/desativar a limpeza automática, marque/desmarque a caixa de seleção **«Limpeza de armazenamento local automática»** e selecione o período de limpeza (consulte a Seção 16.7.6).

Chapter 15

Editor de discos

15.1 Informação geral

O editor de discos permite gravar informações em discos CD e DVD e cartões flash (cartões de memória). Para abrir o editor de disco, clique no botão **«Editor DICOM CD/DVD»** na barra de ferramentas. Para selecionar a opção de posicionamento da aba desejada (na janela atual, em uma janela separada, no modo tela cheia), clique na seta no botão. Para abrir a janela do editor em uma nova aba na janela atual, clique no lado esquerdo do botão.

A janela do editor de disco é mostrada na Fig. 15.1.

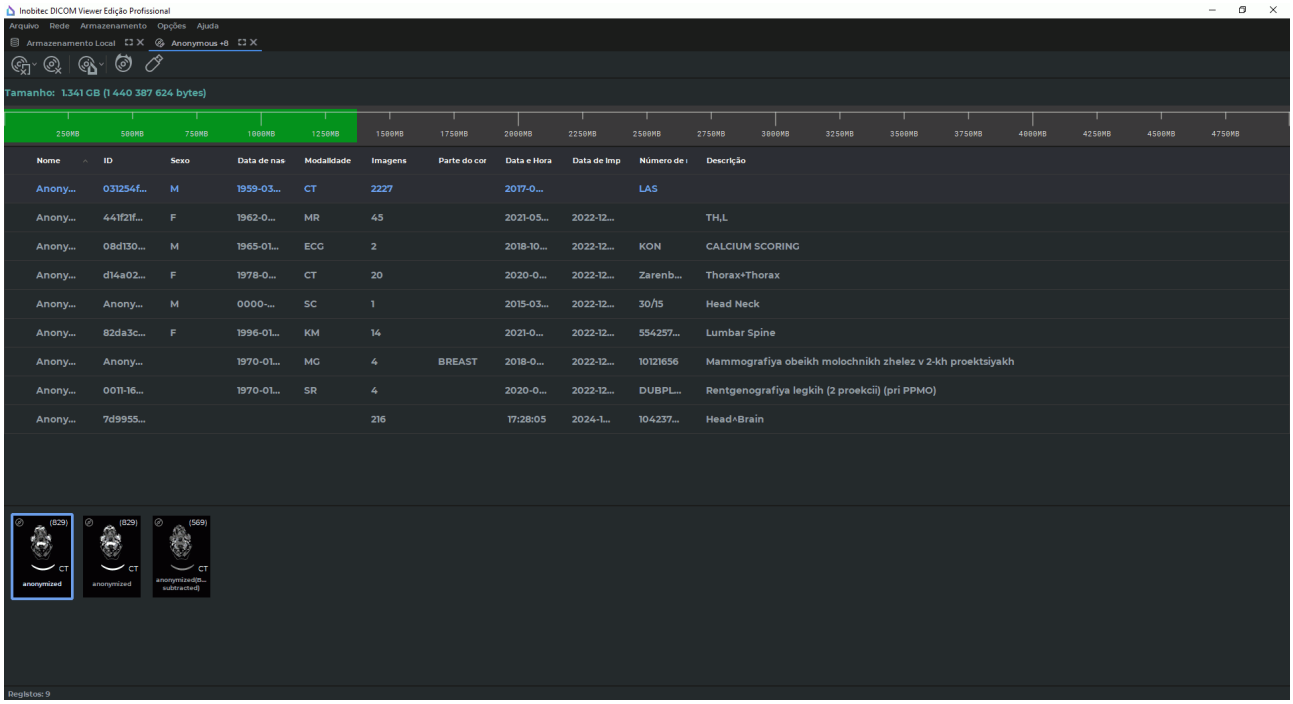


Figure 15.1: Editor de disco

Para que o editor funcione, é necessário definir o diretório de trabalho: a pasta na qual deve ser armazenada a imagem do disco destinada à gravação. Por padrão, o diretório de trabalho está localizado na pasta temporária do sistema operacional. Para alterá-lo, selecione o menu principal **Opções**->**Configurações...**->**Módulos**->**Editor DICOM CD/DVD** e clique no botão **«CONFIGURAÇÕES»**. Na caixa de diálogo que se abre defina o novo caminho no campo **«Caminho à pasta de trabalho»**. Para mais informações sobre a configuração do módulo consulte Secção 16.7.7.

Se o diretório de trabalho já contiver dados quando o editor for aberto, a caixa de diálogo **«Deseja limpar diretório de trabalho antes de inserir dados novos?»** será exibida. Para limpar, clique em **«SIM»**. Para manter os dados, **«NÃO»**.

Se a imagem do disco for corrompida, ela pode se tornar inutilizável. Se ocorrerem erros ao adicionar ou excluir análises, limpe manualmente a pasta de imagem do disco.

Depois de gravados, os dados no diretório de trabalho podem ser salvos para uso posterior ou podem ser excluídos automaticamente. A limpeza automática do diretório é ativada antes que a imagem seja gravada (Seção 15.3).

Ao adicionar dados a uma imagem de disco, o editor abre automaticamente.

No topo do editor estão os botões de controle:

	O botão **«Remover série da imagem DICOM CD/DVD»**: para excluir a série selecionada, clique no lado esquerdo do botão. Para excluir a análise selecionada, clique na seta no botão e selecione o comando **«Remover estudos»**.
	O botão **«Limpar imagem DICOM CD/DVD»** remove todos os análises da imagem.
	O botão **«Incluir Inobitec DICOM Disc Viewer para imagem DICOM CD/DVD»**: a funcionalidade é descrita na Seção 15.2.3.
	O botão **«Gravar imagem DICOM CD/DVD criada para disco óptico»** grava a informação contida na imagem no disco óptico.
	O botão **«Gravar imagem DICOM CD/DVD criada para cartão de memória flash ou diretório»** grava as informações contida na imagem no cartão de memória ou em uma pasta no disco rígido.

A opção **«Tamanho»** exibe o tamanho da imagem do disco. A mesma informação é duplicada no diagrama por uma faixa verde (Fig. 15.2).

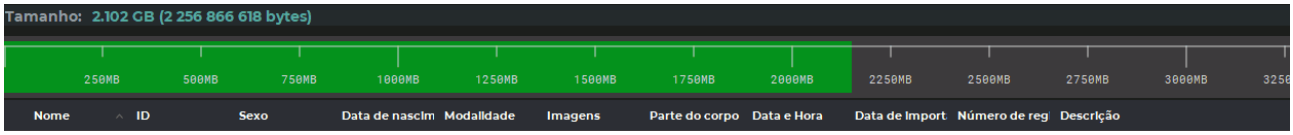


Figure 15.2: Tamanho da imagem do disco

15.2 Adicionando dados a uma imagem de disco

15.2.1 Adicionar dados automaticamente a uma imagem de disco

Desde a versão 1.14.0 é possível adicionar dados automaticamente a uma imagem de disco.

Para configurar a adição automática de análises, selecione o menu principal **Opções**->**Configurações...**->**Módulos**->**Editor DICOM CD/DVD** e clique no botão **«CONFIGURAÇÕES»**. Na janela que se abre, marque a opção **«Adicionar estudos selecionados ao abrir editor DICOM CD/DVD»>**. A opção é definida por padrão. Clique em **«OK»** para aplicar as configurações ou em **«CANCELAR»** para cancelar a ação.

Para adicionar análises automaticamente ao DICOM Viewer, faça o seguinte:

1. Carregue as análises no DICOM Viewer.
2. Selecione a análise necessário (várias análises pressionando a tecla **Shift** ou **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS), mais detalhes na Seção 1.9).
3. Clique no lado esquerdo do botão **«Editor DICOM CD/DVD»** na barra de ferramentas. Se o editor estiver fechado, ele abre e os análises selecionados são adicionados à imagem.

Se você receber o erro **«Diretório de trabalho não está definido. Escolha diretório de trabalho e tente de novo»**, defina o diretório de trabalho para o editor (Seção 16.7.7) ou será criado automaticamente na pasta temporária do sistema operacional na próxima vez que você -iniciar o editor de disco.

15.2.2 Adicionar dados manualmente a uma imagem de disco

Para adicionar manualmente análises ou séries individuais ao DICOM Viewer, siga estas etapas:

1. Carregue as análises no DICOM Viewer.
2. Selecione a análise necessário (várias análises pressionando a tecla **Shift** ou **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS), mais detalhes na seção 1.9).
3. Para adicionar o(s) análise(s) inteiro(s) à imagem, clique no botão **«Adicionar os estudos selecionados para imagem DICOM CD/DVD»** no painel para carregar/descarregar análises.
4. Se você precisar adicionar séries individuais da análise selecionada à imagem, selecione-as no painel de análises e clique no botão **«Adicionar as séries selecionadas para imagem DICOM CD/DVD»** no painel de carregamento de séries. A seleção de várias séries é realizada com as teclas **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) ou **Shift** pressionadas da mesma forma que a seleção de várias análises (para mais detalhes, consulte a Seção 1.9).

Se o editor estiver fechado, ele se abre e os dados selecionados são adicionados à imagem.

Se você receber o erro **«Diretório de trabalho não está definido. Escolha diretório de trabalho e tente de novo»**, defina o diretório de trabalho para o editor (Seção 16.7.7) ou será criado automaticamente na pasta temporária do sistema operacional na próxima vez que você -iniciar o editor de disco.

15.2.3 Adicionando o Inobitec DICOM Disc Viewer a uma imagem de disco

Para poder visualizar as imagens gravadas no disco sem instalar software especial, adicione à imagem do disco a edição de disco do **Inobitec DICOM Disc Viewer**, que não requer instalação e é iniciado diretamente do disco nos sistemas operacionais Windows, Linux e macOS.

A cada sistema operacional corresponde seu próprio tipo de **Inobitec DICOM Disc Viewer**. Clique na seta no botão **«Incluir Inobitec DICOM Disc Viewer para imagem DICOM CD/DVD»** e no menu que aparece (Fig. 15.3) selecione para qual sistema operacional é preciso adicionar o **Inobitec DICOM Disc Viewer**. Os sistemas operacionais selecionados são marcados e destacados na lista em cor azul. Por padrão, são selecionados os itens **«para Windows»** e **«para macOS»**.

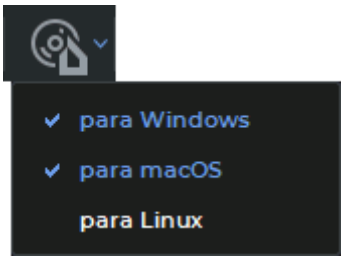


Figure 15.3: Menu do botão «Incluir Inobitec DICOM Disc Viewer para imagem DICOM CD/DVD»

Para adicionar o **Inobitec DICOM Disc Viewer** à imagem do disco, clique no botão **«Incluir Inobitec DICOM Disc Viewer para imagem DICOM CD/DVD»** . Quando você limpa uma imagem de disco, o **Inobitec DICOM Disc Viewer** é salvo neste diretório de trabalho.

Para remover o **Inobitec DICOM Disc Viewer** do diretório de trabalho atual, clique no botão e na caixa de diálogo que se abre, clique no botão **«SIM»**, para confirmar a exclusão ou no botão **«NÃO»** para cancelar.

15.3 Gravação de imagem

Se você precisar gravar um arquivo DICOMDIR em um disco (cartão de memória), ative a opção correspondente nas configurações do editor de disco (Seção 16.7.7).

15.3.1 Gravação da imagem em um disco óptico

Atenção! A gravação em um disco no SO macOS é realizada usando ferramentas padrão do sistema operacional com uma imagem de disco preparada no programa (Seção 15.3.3).

Para gravar uma imagem de disco em um disco óptico no Linux, é necessário que seja instalado o utilitário de linha de comando «wodim». Se o utilitário «wodim» não é instalado, a gravação da imagem de disco em um disco óptico é impossível.

No Linux, o DICOM Viewer detecta um dispositivo de gravação de disco óptico conectado apenas se tal estiver desmontado. Dispositivos montados são ignorados.

Para gravar informações no disco, faça o seguinte:

1. Pressione o botão **«Gravar imagem DICOM CD/DVD criada para disco ótico»** na barra de ferramentas do editor de disco. A janela mostrada na Fig. 15.4.

2. Se necessário, selecione o dispositivo de gravação na lista suspensa.

3. Edite o nome do disco, se necessário.

4. Se necessário, ative ou desative a opção **«Definir velocidade mínima de gravação»** (Seção 15.3.4).

5. Se necessário, ative ou desative a opção **«Limpar automaticamente imagem DICOM CD/DVD depois de gravar disco»**.

6. Clique em **«OK»** para gravar ou **«CANCELAR»** para cancelar a ação.

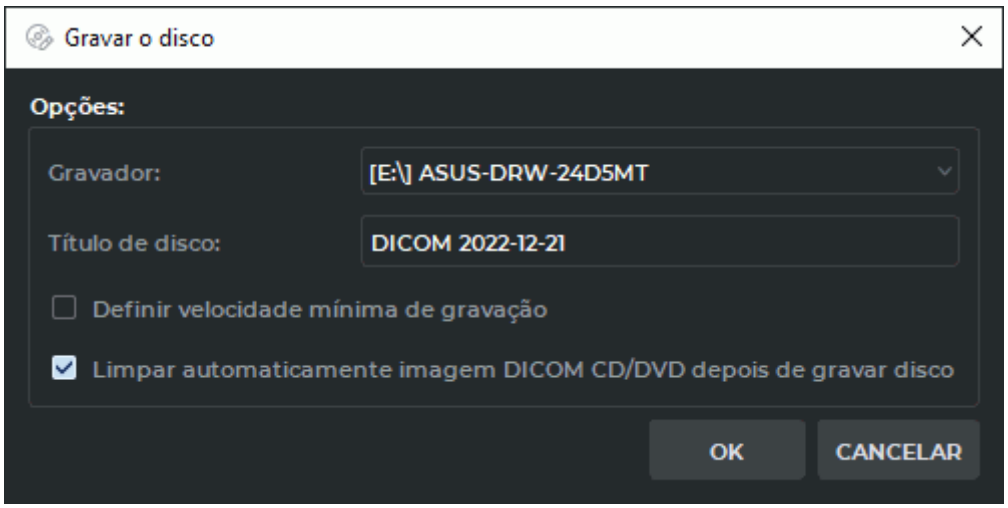


Figure 15.4: Opções de gravação no disco

Se a opção **«Limpar automaticamente imagem DICOM CD/DVD depois de gravar disco»** estiver ativada, o diretório de trabalho será limpo após a gravação. Caso contrário , os dados contidos nele podem ser reescritos.

15.3.2 Gravar uma imagem em um cartão de memória ou pasta

Para gravar informações em um cartão de memória (cartão flash) ou em uma pasta no disco rígido, faça o seguinte:

1. Clique no botão **«Gravar imagem DICOM CD/DVD criada para cartão de memória flash ou diretório»** na barra de ferramentas do Disk Editor. Uma caixa de diálogo de seleção de pasta será aberta (Fig. 15.5).

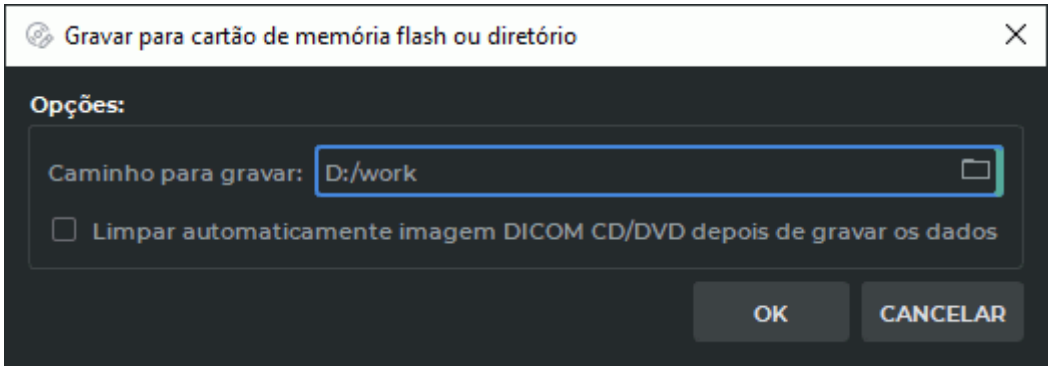


Figure 15.5: Diálogo para selecionar uma pasta para gravar uma imagem

2. Selecione um cartão de memória ou uma pasta no disco rígido para gravação. Para fazer isso, digite o caminho no campo **«Caminho para gravar»** ou clique no botão e selecione o caminho na caixa de diálogo aberta.

3. Se necessário, ative ou desative a opção **«Limpar automaticamente imagem DICOM CD/DVD depois de gravar os dados»**.

4. Clique em **«OK»** para escrever ou **«CANCELAR»** para cancelar a ação.

Se a opção **«Limpar automaticamente imagem DICOM CD/DVD depois de gravar disco»** estiver ativada, o diretório de trabalho será limpo após a gravação. Caso contrário, os dados contidos nele podem ser reescritos.

15.3.3 Gravação de imagem em disco CD/DVD no sistema operacional macOS

Para gravar informações no disco, faça o seguinte:

1. Crie um diretório de trabalho em seu disco rígido: uma pasta na qual a imagem do disco destinada à gravação será salva.

2. Escreva as informações no diretório criado de acordo com a Seção 15.3.2.

3. Grave a imagem em um disco CD/DVD usando ferramentas padrão do seu sistema operacional ou aplicativos especiais.

15.3.4 Possíveis erros de gravação e vias de sua correção

Alguns parâmetros de arquivos DICOM podem não estar em conformidade com os requisitos padrão, o que pode resultar em erros na criação de um DICOMDIR. Caso ocorram erros, é exibida uma caixa de diálogo com a mensagem de erro:

- **«Error na criação de DICOMDIR»**. Clique em **«IGNORAR»** para gravar arquivos de imagem sem DICOMDIR em um disco óptico ou cartão de memória, ou em **«CANCELAR»** para cancelar a gravação;

- **«Nem todos os ficheiros da pasta de trabalho foram adicionados ao DICOMDIR»**. Neste caso, clique em **«IGNORAR»** para gravar no disco óptico ou cartão de memória os arquivos de imagem com o arquivo DICOMDIR criado que não conterá dados sobre alguns dos arquivos DICOM gravados. Para cancelar a gravação, clique em **«CANCELAR»**.

Se não houver necessidade de gravar o DICOMDIR ou sua criação correta for impossível devido às razões mencionadas acima, desative a opção correspondente nas configurações do editor de discos (Seção 16.7.7).

Para diminuir a probabilidade de erros ao gravar discos ópticos (CD/DVD), defina a velocidade de gravação para o mínimo. Uma velocidade baixa reduz o risco de ocorrência de defeitos no disco devido à instabilidade da unidade ou à baixa qualidade da mídia. Discos gravados em velocidades mais baixas costumam ser mais fáceis de ler em diversos dispositivos, especialmente em unidades antigas ou menos potentes.

A gravação de dados pode falhar em alguns modelos de unidades de CD/DVD. Para melhorar a confiabilidade da gravação, habilite o buffer de imagem (Seção 16.7.7). Nesse caso, antes de gravar no disco, todo o arquivo buffer para gravação é criado na pasta temporária do usuário atual. Os arquivos de buffer são criados antes de cada gravação e são excluídos do disco rígido apenas quando o DICOM Viewer é fechado, portanto, você deve levar em consideração a quantidade de espaço livre no disco rígido ao gravar em um disco várias vezes em uma sessão do programa.

15.4 Visualização de análises gravadas em disco

Insira um disco ou cartão de memória com dados DICOM e o **Inobitec DICOM Disc Viewer** gravados no computador ou abra a pasta com os dados no disco rígido. Se o seu computador estiver configurado para executar automaticamente programas de discos CD/DVD e cartões de memória, o **Inobitec DICOM Disc Viewer** será iniciado automaticamente. Caso contrário, execute o arquivo **«Start_Win»** do disco ou cartão de memória no sistema operacional Windows, execute o arquivo **«autorun.sh»** no sistema operacional Linuxe o arquivo **«DICOMViewer»** no sistema operacional macOS. Os arquivos estão na raiz do disco ou cartão de memória.

Para iniciar a partir da pasta, execute o arquivo **«Start_Win»** no sistema operacional Windows, o arquivo **«autorun.sh»** no sistema operacional Linux ou o arquivo **«DICOMViewer»** no sistema operacional macOS.

As análises gravadas são exibidas automaticamente no painel de análises.

O lançamento de CDs/DVDs e cartões de memória não está disponível se:

- **os arquivos «DICOMViewer.AppImage» e «autorun.sh» foram gravados em um disco ótico no Windows;**
- **os arquivos «DICOMViewer.AppImage» e «autorun.sh» foram gravados em um cartão de memória com um sistema de arquivos da família FAT (exceto o exFAT).**

Chapter 16

Configurações o DICOM Viewer

Para alterar as configurações, selecione o menu **«Opções»** e o item **«Configurações...»**. A janela é mostrada na Fig. 16.1.

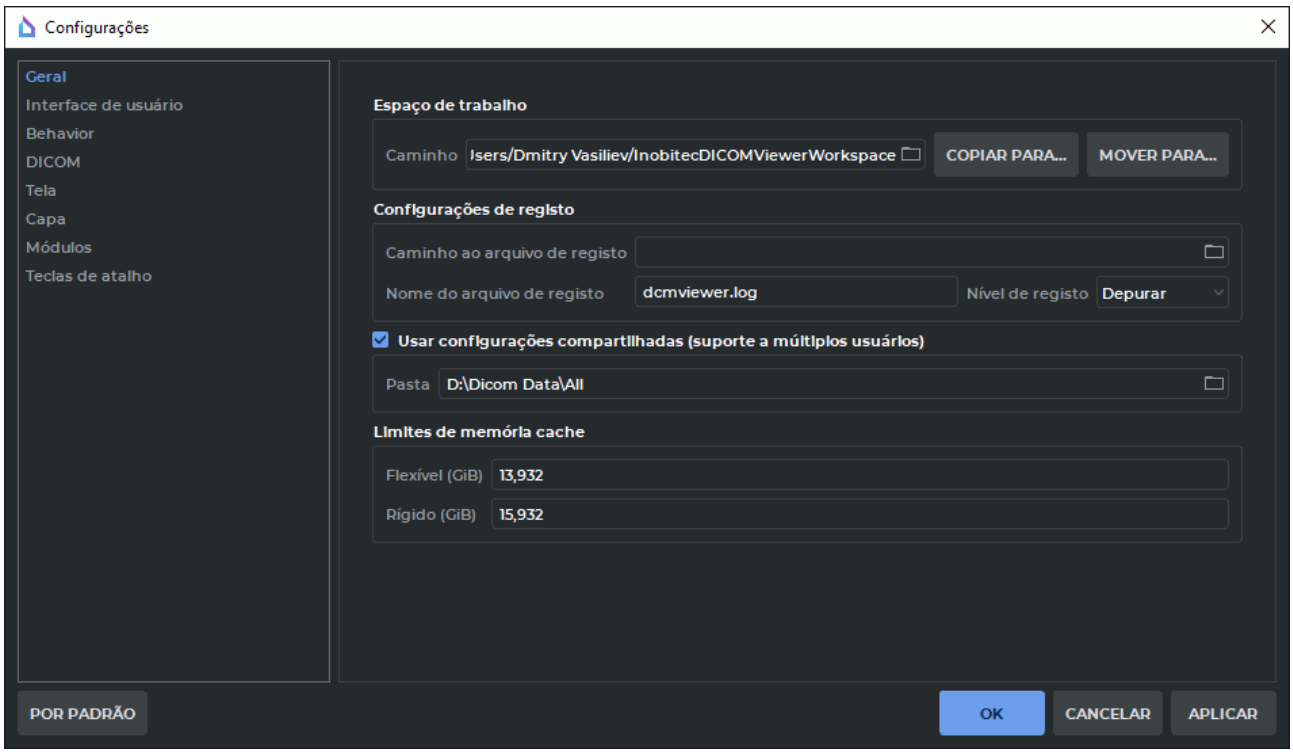


Figure 16.1: Janela de configuração do DICOM Viewer. Seção de configurações gerais

A lista de seções de configuração é exibida na parte esquerda da janela.

16.1 Seção «Geral»

Nesta seção, os seguintes parâmetros são configurados (Fig. 16.1):

- Caminho para o diretório de trabalho. É aqui que reside o repositório local. O caminho pode ser inserido manualmente ou selecionado na caixa de diálogo. Para abrir a caixa de diálogo, clique no botão à direita da linha de entrada do caminho.
- O caminho para o arquivo de log. O log contém informações sobre a operação do DICOM Viewer. O caminho pode ser inserido manualmente ou selecionado na caixa de diálogo. Para abrir a caixa de diálogo, clique no botão à direita da linha de entrada do caminho. Se este parâmetro não for especificado, o arquivo de log está localizado na pasta que contém os arquivos de serviço (seção **«Arquivos de serviço do programa»**).
- O nome do arquivo de log.
- Detalhando o log do DICOM Viewer. Vários níveis de detalhe estão disponíveis:
  - **«Falha»**: informações sobre erros que levaram a uma falha no trabalho do DICOM Viewer
  - **«Erro»**: informações sobre todos os erros que podem levar à operação incorreta do DICOM Viewer
  - **«Aviso»**: todos os erros são registrados, incluindo aqueles que não levam à operação incorreta do DICOM Viewer
  - **«Informações»**: todos os erros são registrados, assim como as ações regulares do DICOM Viewer
  - **«Depurar»**: todos os erros são registrados da forma mais detalhada possível, assim como as ações regulares do DICOM Viewer.

  Depois de alterar o nível de registro, não é necessário reiniciar o programa.
- Ativar a função de usar uma pasta compartilhada para armazenar informações de serviço (bandeira **«Usar configurações compartilhadas (suporte a múltiplos usuários)»**) e configurar uma pasta compartilhada;
- Configurando o limite de uso do cache. Os valores limite soft e hard são definidos.
  - campo **«Flexível»** especifica a quantidade máxima de cache que será usada pelo programa sem tentar liberar memória excluindo dados não utilizados. Por padrão, o valor é calculado automaticamente com base na quantidade de RAM no dispositivo no qual o DICOM Viewer está instalado.
  - campo **«Rígido»** especifica a quantidade máxima de cache que pode ser alocada para dados armazenados em cache. Por padrão, o valor é igual à quantidade de RAM no dispositivo no qual o DICOM Viewer está instalado.

  O limite de memória cache é definido em Gibibytes (GiB) com uma precisão de um milésimo no intervalo de 0,125 a 999999999999,999. Os valores não devem exceder o tamanho da memória do dispositivo. Se você tentar definir um limite que exceda o tamanho da memória do dispositivo, um aviso será exibido. O valor no campo **«Rígido»** deve ser maior que o valor no campo **«Flexível»**. Se os valores de limite de cache não

atenderem a esses requisitos, uma janela de aviso será exibida ao tentar aplicar esses valores.

Os campos de entrada para o limite de memória cache estão equipados com um botão para restaurar os valores recomendados . O botão para restaurar os valores recomendados é exibido no campo de entrada se o valor limite inserido não corresponder ao recomendado. Para restaurar o valor de limite de memória cache recomendado, clique no botão no campo correspondente.

Depois de alterar o limite de cache, o programa precisa ser reiniciado. Isso exibe uma caixa de diálogo informando ao usuário que é necessário reiniciar.

16.2 Seção «Interface do usuário»

Esta seção define as seguintes configurações:

- Interface de linguagem. Selecionado na lista pendente. O idioma selecionado é aplicada depois de reiniciar o programa.

- Help language. Selecionado a partir da lista pendente de idiomas de ajuda instalados. Por defeito, o item **Auto** está definido e o idioma da interface é utilizado como o idioma do sistema de ajuda incorporado.

  Se não existir um sistema de ajuda para o idioma de interface selecionado, é utilizado o sistema de ajuda em inglês. Se, durante a instalação do programa, o utilizador se recusou a instalar o sistema de ajuda aquando da instalação do programa, então a escolha da língua do sistema de ajuda não está disponível.

  O idioma do sistema de ajuda selecionado é aplicado após o reinício do programa.

- Usando caixas de diálogo do sistema operacional ou caixas de diálogo de estilo do DICOM Viewer.

- Solicitação de confirmação de fechamento do DICOM Viewer.

- Exibir dicas de ferramentas (opção **«Dicas»**), bem como exibir abreviações para teclas de atalho em dicas de ferramentas e reproduzir uma apresentação de slides. Se a opção **«Dicas»** for removida, as dicas de ferramentas não serão exibidas.

- Ativação de planos de fundo transparentes em janelas que exibem modelos volumétricos. Um plano de fundo transparente é aplicado após a reinicialização do programa.

  Atenção! Um plano de fundo transparente pode aparecer em outros elementos da interface do programa. Esse comportamento é determinado pelo sistema operacional do usuário.

- Como configurar a exibição de informações no talão da aba. Opções disponíveis:

  – **«Mostrar o nome do módulo no separador»**. O talão da aba exibe o nome do módulo;

- **«Mostrar o nome do paciente em uma guia»**. O talão da aba exibe o nome do paciente. O valor da marca *PatientName(0010,0010)*. Por padrão, a opção está habilitada;
- **«Mostrar o nome do paciente e a data do estudo no separador»**. O talão da aba exibe o nome do paciente e a data do estudo no formato: *<Nome do paciente> <Data do estudo>*. O nome do paciente e a data do estudo são os valores das tags *PatientName(0010,0010)* e *StudyDate(0008,0020)* respectivamente.

16.3 Secção Comportamento

Esta secção configura os parâmetros através dos quais o comportamento do programa é alterado:

- Parâmetro **«Permitir fechar o aplicativo executado por outros usuários»**. Por defeito, a não está definido. Para ativar o parâmetro, o DICOM Viewer tem de ser iniciado como um utilizador com direitos de administrador. Os utilizadores, que não são administradores não podem definir ou apagar o sinalizador.

  Neste caso, é apresentada uma caixa de diálogo de aviso. Recomenda-se a ativação deste parâmetro quando existe mais do que uma conta de utilizador no sistema. A definição aplica-se a todos os utilizadores utilizadores do sistema. Depois de ativar a definição, um programa executado por um utilizador pode ser encerrado noutra sessão em nome de outro utilizador.

  A definição não está disponível nos sistemas operativos macOS não está disponível.

- O parâmetro **«Iniciar o visualizador do menu de contexto do explorador»** ativa/desativa o carregamento e a abertura de estudos DICOM pelo programa através do menu de contexto do explorador. O estado inicial do parâmetro é definido pelo utilizador quando instala o programa na janela **«Parâmetros estendidos»** (Fig. 7).

  Nos sistemas operativos Linux e macOS, a definição do parâmetro não está disponível.

  O parâmetro pode ser alterado para o utilizador atual ou para todos os utilizadores do do sistema operativo. Para alterar o parâmetro para todos os utilizadores, é necessário, O DICOM Viewer deve ser iniciado como um utilizador com direitos de administrador. Neste caso, o nome do parâmetro é **«Iniciar o visualizador do menu de contexto do explorador (for all users)»**.

  O parâmetro definido para todos os utilizadores só pode ser desativado depois de o programa ter sido iniciado por um utilizador com direitos de administrador.

  Ativação da exibição da janela de boas-vindas após a atualização. A opção **«Mostrar o painel de boas-vindas após a atualização»** ativa a exibição da janela de boas-vindas na primeira inicialização do programa após sua atualização. Por padrão, a opção está desativada.

- Ativar a minimização da área de notificação quando a janela é fechada (marcador **«Mostrar ícone de bandeja do sistema»**) e quando a janela é minimizada (marcador **«Minimizar a bandeja»**).

- Ativar o lançamento automático do DICOM Viewer quando o utilizador inicia sessão. Por defeito, a opção **«Iniciar o visualizador automaticamente quando o usuário fizer login»** está desativada.

  Se o sinalizador estiver definido, o lançamento automático será ativado apenas para a versão atual e o utilizador inicia sessão.

  Para minimizar o DICOM Viewer para a área de notificação durante o lançamento automático, ative as opções **«Mostrar ícone de bandeja do sistema»** e **«Ocultar na inicialização (a opção «Mostrar ícone de bandeja do sistema» deve estar ativada)»**.

- Habilitar a coleta de estatísticas anônimas (telemetria). A telemetria nos permite coletar estatísticas anônimas para que possamos melhorar o produto.

16.4 Seção «DICOM»

Esta seção configura os parâmetros relacionados ao processamento de dados DICOM:

- codificação de leitura de dados DICOM;

- **«Ignorar erros de análise»** é ativada/desativada;

- **«Ignorar comprimento de cabeçalho meta de arquivo»** é ativada/desativada;

- **«Permitir leitura de arquivo quebrado»** é ativada/desativada;

- **«Perform color space conversion from YCbCr to RGB»** é ativada/desativada. Desligado por defeito. A opção é utilizada nos casos em que o modelo de cor na etiqueta *PhotometricInterpretation (0028,0004)* é especificado incorretamente. Quando a opção está ativada o espaço de cor é convertido de YCbCr para RGB. Ao alterar e guardar a definição, é necessário reiniciar o programa. Neste caso, será apresentada uma caixa de diálogo com um aviso de que a configuração será aplicada no próximo arranque do programa. Se o programa for reiniciado automaticamente, a opção não é aplicada.

16.5 Seção «Tela»

Esta secção destina-se a configurar a visualização das janelas do DICOM Viewer nos monitores disponíveis no SO.

16.5.1 Configuração de um monitor adicional

O DICOM Viewer permite-lhe apresentar informações em vários monitores sem ter de mover manualmente as janelas.

Para ativar um monitor adicional, siga os passos abaixo:

1. Selecione o menu **«Opções»** e o item **«Configurações...»**.

2. Abra a seção **«Tela»**. Uma janela semelhante à mostrada na Fig. 16.2.

3. Assinale a caixa de verificação na lista **«Parâmetros especiais da tela»** para selecionar o(s) ecrã(s) a utilizar quando trabalhar com o DICOM Viewer. O estado do ecrã muda para **«Usado»**.

4. Clique no botão **«OK»** ou **«APLICAR»** para aplicar as alterações ou **«CANCELAR»** para descartar as alterações.

5. O DICOM Viewer precisa ser reiniciado para aplicar as alterações. DICOM Viewer solicita a confirmação da reinicialização: **«Para ativar as alterações, reinicie o programa. Deseja reiniciar o aplicativo?»**.

   Se você não terminou de trabalhar com os exames abertos ou deseja salvar as informações, cancele a reinicialização clicando no botão **«NÃO»** e volte à configuração dos monitores mais tarde. Para reiniciar o DICOM Viewer, clique em **«SIM»**.

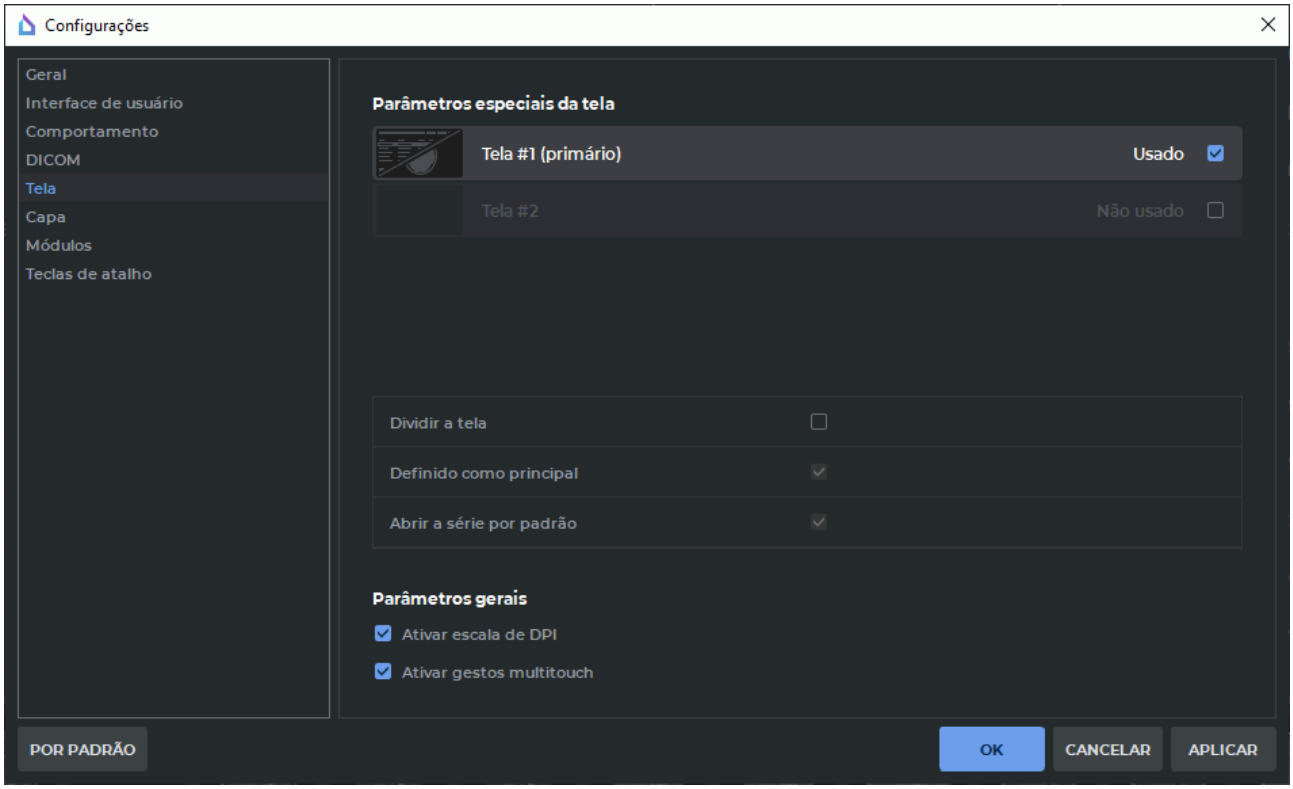


Figure 16.2: Seção de configurações do monitor

Se apenas um ecrã estiver marcado, o DICOM Viewer abre-se nesse ecrã. Se estiver marcado mais do que um ecrã, as janelas do DICOM Viewer são abertas nos ecrãs marcados. Para fechar o DICOM Viewer, basta fechar qualquer uma das janelas.

16.5.2 Personalizar parâmetros de ecrãs individuais

O DICOM Viewer permite-lhe dividir o ecrã do monitor em duas partes, colocando duas janelas lado a lado no arranque.

Para alterar os parâmetros individuais do ecrã, siga os passos abaixo:

1. Selecione o menu **«Opções»** e o item **«Configurações...»**.
2. Abra a seção **«Tela»**. Uma janela semelhante à mostrada na Fig. 16.2.
3. Selecione o ecrã que pretende dividir na lista **«Parâmetros especiais da tela»**. Um ecrã não utilizado não pode ser selecionado.
4. Assinale a marca **«Dividir a tela»** para selecionar o ecrã (Fig. 16.3.

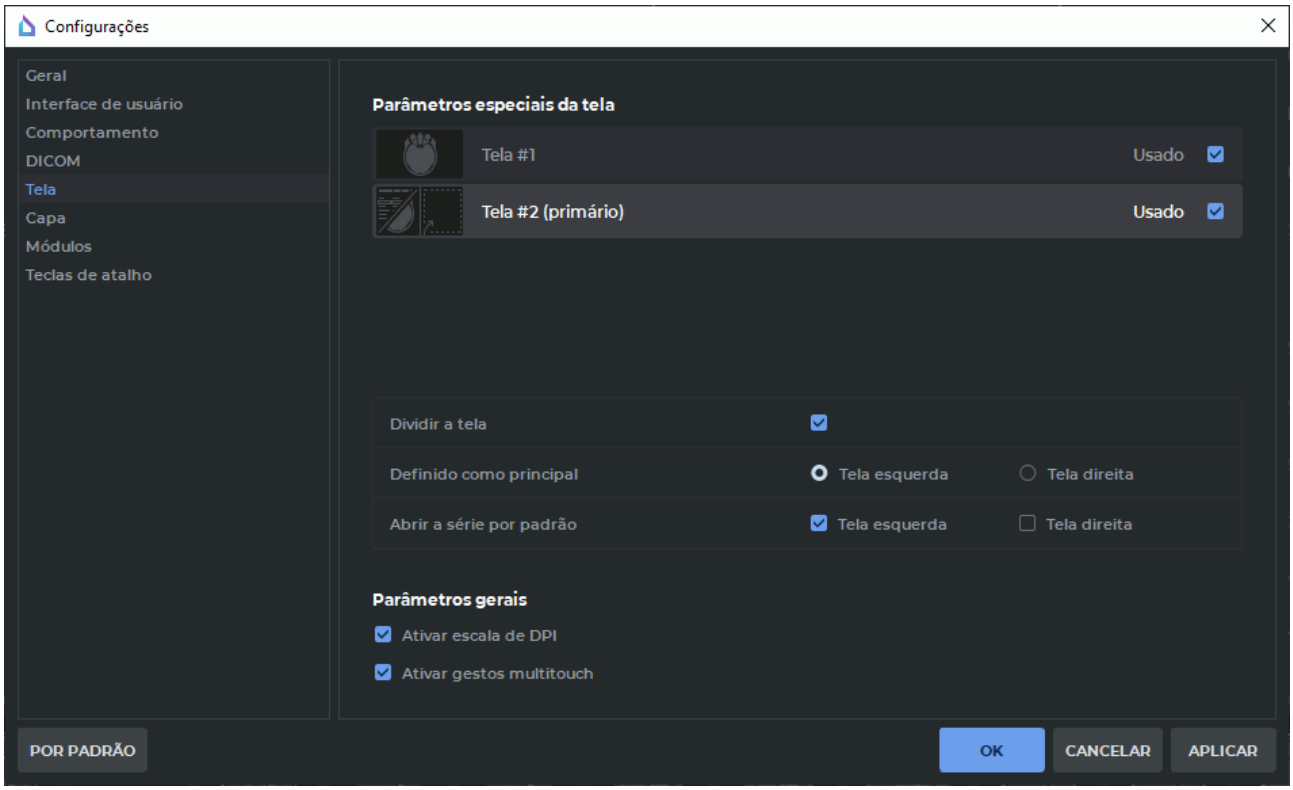


Figure 16.3: Definições do ecrã individual

5. Defina a janela esquerda ou direita do ecrã dividido como a janela principal selecionando as opções correspondentes na linha **«Definido como principal»**. Quando se inicia o DICOM Viewer o separador da lista de estudos é automaticamente aberto na janela principal. Apenas uma janela pode ser atribuída como janela principal. Nas outras janelas, o separador da lista de exames pode ser aberto manualmente a partir do menu principal do **Arquivo->Lista de estudos**.
6. Na linha **«Abrir a série por padrão»** assinalar as caixas de verificação das janelas em que se pretende abrir a série nos separadores correspondentes (**«Visualizador de imagens»**, **«Reconstrução volumétrica»**, **«Reconstrução MPR»** etc.) quando faz duplo

clique sobre a miniatura ou clicando no botão correspondente da barra de ferramentas. A ordem de abertura de abertura das séries nas janelas marcadas com a bandeira **«Abrir a série por padrão»** é determinada pela posição das janelas (da esquerda para a direita, da esquerda para a direita).

7. Clique no botão **«OK»** ou **«APLICAR»** para aplicar as alterações ou **«CANCELAR»** para descartar as alterações.

8. Na janela de confirmação da reinicialização, clique em **«SIM»** para reiniciar ou em **«NÃO»** para cancelar a reinicialização e continuar trabalhando.

Quando o utilizador seleciona a opção da localização da série utilizando o item de menu **«Mostrar como tela separada»** (ver Secção 1.4), a janela da série abre-se no centro do ecrã. Para fixar a janela separada, clique no botão **«Anexar janela»** na barra de título da janela. A janela é adicionada como um separador à janela esquerda do programa no ecrã correspondente.

Quando o utilizador seleciona a apresentação da série utilizando o item de menu **«Mostrar em tela cheia»** (ver Secção 1.4), a série é aberta em ecrã inteiro. As janelas das abertas podem ser sobrepostas. Quando se sai do modo de ecrã inteiro a janela da série é adicionada como um separador à janela do programa correspondente.

16.5.3 Suporte para monitores HD

Para a interface para monitores de alta resolução de acordo com a escala configurada no sistema operacional, marque a opção **«Ativar escala de DPI»**. Para aplicar a configuração, você deve fechar o programa e iniciá-lo novamente.

16.5.4 Suporte de gestos em monitores táteis

Para ativar o suporte de gestos multitoque em um monitor tátil, marque a opção **«Ativar gestos multitouch»**. Se a opção está desmarcada, são suportados apenas gestos de toque único. Por padrão, esta opção está ativada em sistemas operacionais de Windows e desativada em outros sistemas operacionais. Para obter mais informações sobre os gestos de toque suportados, consulte Secção 1.15.

Para aplicar a configuração, é necessário fechar o programa e reiniciá-lo.

16.6 Seção «Capa»

Esta seção define as seguintes configurações:

- aparência do DICOM Viewer (estilo):
  - claro;
  - escuro (definido por padrão).
- usando o estilo do DICOM Viewer DICOM para o sistema de ajuda.

16.7 Seção «Módulos»

Esta seção define as configurações para módulos individuais do DICOM Viewer (Fig. 16.4).

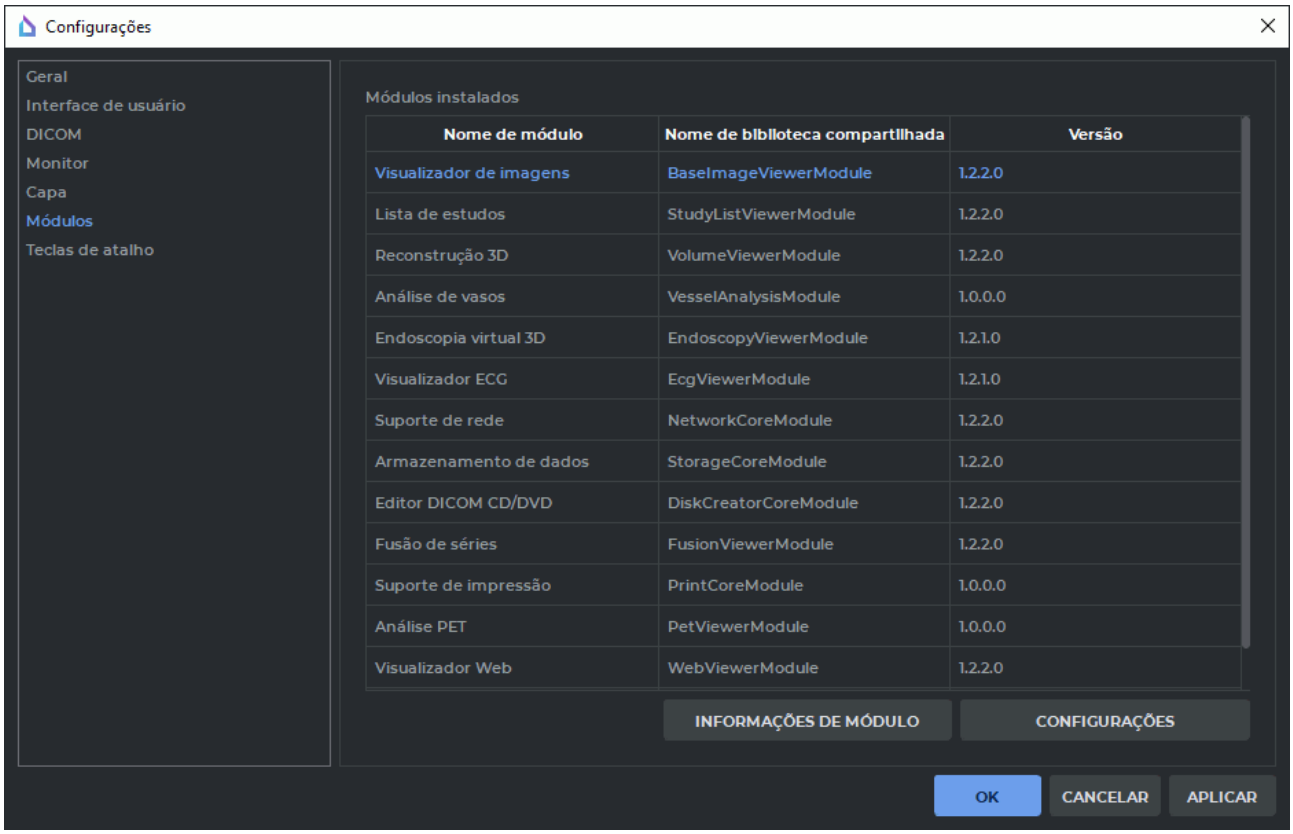


Figure 16.4: Seção de configuração dos módulos

Para visualizar informações detalhadas sobre cada módulo, destaque o módulo e clique no botão **«INFORMAÇÕES DE MÓDULO»**. Alguns módulos possuem parâmetros especiais. Para isso, selecione o módulo na lista **«Módulos instalados»** e clique no botão **«CONFIGURAÇÕES»**.

16.7.1 Personalizando o «Visualizador de imagens»

Selecione o módulo **«Visualizador de imagens»** na lista **«Módulos instalados»** e pressione o botão **«CONFIGURAÇÕES»**. A janela **«Configurações do visualizador de imagens»** possui 4 abas com as seguintes opções:

1. Aba **«Geral»**. São configurados os parâmetro:
   - Ferramenta padrão (a ferramenta que está ativa quando a imagem é aberta). As opções estão disponíveis:
     - Nenhuma ferramenta;
     - Ajustar Janela/Nível;
     - Régua;

  - Medição angular;
  - Ferramenta ROI retângulo;
  - Ferramenta ROI elipse;
  - Ferramenta ROI polígono;
  - Sincronizar por ponto;
- modo padrão. Opções disponíveis:
  - nenhum modo;
  - modo DSA;
- tivar/desativar a confirmação da exclusão de anotações e medições;
- ativar/desativar aviso sobre interpolação não bilinear;
- habilitar/desabilitar exibição de TSE dos valores em anotações;
- habilitar/desabilitar a sincronização de rolagem por frames em série por padrão;
- ativar/desativar a sincronização da escala e posição das seções em diferentes projeções;
- ativar/desativar a visualização da lista de séries do estudo atual no menu de contexto. A opção está ativada por defeito.

2. Aba **«Disposição de imagem»**. São configurados os parâmetros:

   - opção **«Confirmar o encerramento de série depois de alterar a disposição»**. Ativado por padrão. Desativa/ativa a exibição de uma caixa de diálogo de confirmação de exclusão de série se for selecionada uma configuração de grade que contém menos janelas de visualização do que séries abertas na análise. A opção é exportada para o arquivo de salvamento das configurações atuais do DICOM Viewer (consulte a Seção 16.9.1);
   - Disposição de séries padrão;
   - Prioridade de divisão;
   - Disposição de imagem padrão;
   - Rolagem das imagens;
   - opção **«Preenchimento automático com séries»**. Desativada por predefinição. tiva/desativa a colocação automática das séries de estudo na grelha especificada;
   - Classificar por.

   Os parâmetros podem ser configurados para uma modalidade específica. Para adicionar uma modalidade, clique no botão **«ADICIONAR»** e digite o nome da modalidade na caixa de diálogo que se abre. Para alterar as configurações de uma modalidade já adicionada, selecione-a na lista pendente **«Configurações de modalidade»**. Para remover a modalidade selecionada, clique no botão **«REMOVER»**.

3. Aba **«Controladores»**. Personaliza as ações executadas pelo mouse. Mais detalhes na Seção 16.7.10.

4. Aba **«Configurações Janela/Nível»**. São configurados os parâmetros:

   - modo**«Usar o mesmo valor Janela/Nível para todas as imagens da série»**;

- modo **«Recalcular o valor recomendado Janela/Nível»**;
- valores padrão de janela/nível para o modo DSA

Uma descrição detalhada das opções adicionais para definir a largura e o nível da janela na Seção 2.17.3.

16.7.2 Configurando o módulo «Lista de estudos»

Selecione o módulo na lista **«Módulos instalados»**, o módulo **«Lista de estudos»** e pressione o botão **«CONFIGURAÇÕES»**. Os seguintes parâmetros são configurados na janela **«Configurações de lista de estudos»**:

- Ativar/desativar a opção **«Carregar lista de estudos do armazenamento local automaticamente»** ;
- Ativar/desativar a opção **«Perguntar sobre armazenamento dos dados baixados do servidor»**;
- É selecionado o período para o qual as análises serão carregados do repositório local e a data em que a pesquisa será realizada (a data da análise ou a data da importação);
- Tamanho da fonte, tipo e estilo (negrito e itálico) são configurados;
- Ativar/desativar a opção **«Permitir editar nome de paciente e descrição»**;
- Ativar/desativar a opção **«Avisar sobre edição de nome de paciente e descrição»**;
- Ativar/desativar a opção **«Baixar todas as séries do estudo por clique duplo»**;
- Ativar/desativar a opção **«Altura fixa de miniatura»**.

16.7.3 Configurando o módulo «Reconstrução 3D»

Selecione na lista **«Módulos instalados»** o módulo **«Reconstrução 3D»** e pressione o botão **«CONFIGURAÇÕES»**. A janela contém abas com as seguintes opções:

1. Aba do **«Renderização»**.

   - O dispositivo de visualização é configurado. As seguintes opções estão disponíveis:
     - Automaticamente;
     - CPU(software);
     - com suporte para tecnologia OpenCL;
     - com suporte para tecnologia CUDA;
     - com suporte para tecnologia Metal. Compatível com os sistemas operacionais macOS versão 10.15 e superior.

   As opções podem variar dependendo da configuração e configuração do hardware.

   Os dispositivos de visualização baseados em CUDA não são suportados em sistemas operativos de 32 bits e no macOS não são suportados em sistemas operativos de 32 bits ou no macOS.

- Definir o limite de uso do cache para o visualizador selecionado.

Por padrão, a seleção de um dispositivo de visualização é realizada automaticamente pelo programa e é exibida na lista pendente como a opção **«Automaticamente»**. Para este dispositivo, são exibidos os valores de limite de cache disponíveis para edição. Para cada dispositivo da lista suspensa, é exibida a quantidade de memória disponível para cache.

Os campos de entrada para o limite de memória cache são equipados com um botão para restaurar os -valores de recomendados . O botão para restaurar os valores recomendados é exibido no campo de entrada se o valor limite inserido não corresponder ao recomendado. Para restaurar o valor de limite de cache recomendado, clique no botão no campo correspondente.

Para o dispositivo «CPU(software)», a alteração da configuração de limite de cache não está disponível. Os valores de limite de cache para este dispositivo são calculados com base nos valores especificados na aba «Geral» (consulte a Seção 16.1).

2. Aba **«Segmentação»**. As seguintes configurações são definidas:

   - a opacidade padrão da estrutura;
   - ativar/desativar a opção **«Inverter máscara de edição em MPR»**;
   - a opção **«Confirm on the structure removing»** ativa a saída da caixa de diálogo Confirmação quando se elimina uma estrutura. A opção está ativada por defeito;
   - a opção **«Recolher a nova estrutura na criação»** define de que forma o novo elemento de estrutura deve ser adicionado à lista do painel de segmentação. Se a opção estiver ativada, a estrutura é adicionada na forma recolhida, se estiver desativada — na forma expandida. A opção está ativada por predefinição.

     Um elemento da lista «Volume básico» é sempre adicionado na forma expandida independentemente do estado da opção «Recolher a nova estrutura na criação».

     Um novo elemento de estrutura é adicionado à lista no painel de segmentação por são executadas as seguintes ações:

     – criar uma nova estrutura;
     – cópia de uma estrutura existente ou de uma máscara de estrutura;
     – exportação de uma superfície para a nova estrutura;
     – abertura de uma série contendo estruturas segmentadas;
     – carregar dados de um ficheiro *spj* ou *autospj*;
     – importação de DICOM RT.

3. Aba **«Projeto»**.

   - a poupança dos projectos é configurada:
     – ativar/desativar a opção **«Salvar dados DICOM de série»**;
     – ativar/desativar a opção **«Ativar salvamento automático»**;

  - define o intervalo de tempo entre as auto-salvas na lista **«Tempo limite»** drop-down.
- selecciona a opção para abrir o projecto guardado: em **«3D»**, em **«MPR»** ou em ambos os separadores simultaneamente **«Ambos»**.

4. Aba **«Reconstrução»**.
   - ativar/desativar a opção **«Avisar sobre distância diferente entre cortes»**;
   - ativar/desativar a opção **«Avisar sobre redução de qualidade por causa de criação de série»**;
   - é configurado o método de reconstrução por séries com diferentes distâncias entre as imagens. -Opções disponíveis:
     - **«Interpolação de cortes não uniforme»**;
     - **«Faixa de cortes de distância uniforme»**.
5. Aba **«Interface do usuário»**. As seguintes configurações são definidas:
   - salvamento da configuração das janelas de reconstrução MPR. Desativado por padrão. Para ativar o salvamento, defina a opção **«Salvar tamanhos de janelas MPR»**;
   - espessura das linhas dos planos MPR;
   - sas cores das linhas dos planos MPR. Para alterar a cor, clique com o botão esquerdo no retângulo colorido do plano correspondente e selecione uma cor na janela que se abre;
   - a exibição do painel de orientações espaciais padrão do modelo é desativada nas janelas **«Reconstrução volumétrica»** e **«Visualização 3D»** na aba **«Reconstrução MPR»**. Ativado por padrão. Para desativar a exibição do painel, desmarque a caixa **«Mostrar painel de projeções padrão na visualização 3D»**. A alteração da configuração de visibilidade do painel não se aplica às abas e janelas que já estão abertas;
   - selecciona na lista a ação a executar após a alteração de CLUT se W/L for alterado;
   - ativar/desativar a confirmação da exclusão da medição;
   - as ferramentas de corte e as ferramentas de construção estão separadas.
6. Aba **«Controle 3D»**. As ações realizadas pelo mouse para a janela de reconstrução volumétrica são configuradas. Mais detalhes na Seção 16.7.10.
7. Aba **«Controle MPR»**. São configuradas as ações realizadas pelo mouse para as janelas MPR. Mais detalhes na Seção 16.7.10.

16.7.4 Configurando o módulo «Análise de vasos»

Selecione na lista **«Módulos»** o módulo **«Análise de vasos»** e clique no botão **«CONFIGURAÇÕES»**. A janela contém abas com as seguintes opções:

1. Aba **«Interface do usuário»**. As seguintes configurações são definidas:

- economia de tamanhos de janela na aba **«Análise de vasos»**. Desativado por padrão;
- exibição do painel de orientações espaciais padrão do modelo é desativada na janela **«Visualização 3D»** nas abas **«Análise de vasos»** e **«Análise das artérias coronárias»**. Ativado por padrão. Para desativar a exibição do painel, desmarque a opção **«Mostrar painel de projeções padrão na visualização 3D»**. Alterar a configuração de visibilidade do painel não se aplica a janelas que já estão abertas.
- desativar a opção **«Solicite uma série sem contraste para remover os ossos na abertura da janela»**. Ativado por padrão.

2. Aba **«Controle 3D»**. As ações realizadas pelo mouse para a janela de reconstrução volumétrica são configuradas. Mais detalhes na Seção 16.7.10.

3. Aba **«Controle MPR»**. São configuradas as ações realizadas pelo mouse para as janelas MPR e análise dos vasos. Mais detalhes na Seção 16.7.10.

16.7.5 Configurando o módulo de «Suporte de rede»

Selecione o módulo **«Suporte de rede»** na lista **«Módulos instalados»** e clique no botão **«CONFIGURAÇÕES»**. A janela é usada para configurar o número máximo de conexões simultâneas ao servidor PACS.

16.7.6 Configurando o módulo de «Armazenamento de dados»

Selecione o módulo **«Armazenamento de dados>** na lista **«Módulos instalados»** e clique no botão **«CONFIGURAÇÕES»**. Os parâmetros seguintes são configurados na janela:

- ativar/desativar a opção **«Limpeza de armazenamento local automática»**;
- período de limpeza definido.

16.7.7 Configurando o módulo de «Editor DICOM CD/DVD»

Selecione na lista **«Módulos instalados»** o módulo **«Editor DICOM CD/DVD»** e clique no botão **«CONFIGURAÇÕES»**. Na janela de diálogo (Fig. 16.5), você pode configurar os seguintes parâmetros:

- caminho do diretório de trabalho em que fica a imagem de disco a ser gravada. Por padrão, o diretório de trabalho está localizado na pasta temporária do sistema operacional. Não é permitido especificar um caminho vazio para o diretório de trabalho. Se for especificado o caminho para um novo diretório de trabalho e o diretório antigo não estiver vazio, será exibido um aviso;
- ativar/desativar a opção **«Adicionar estudos selecionados ao abrir editor DICOM CD/DVD»>**;
- ativar/desativar a opção **«Adicionar arquivo DICOMDIR para imagem DICOM CD/DVD criada antes de gravar dados»**;
- **«Ativar buffering de imagem»** é ativada/desativada.

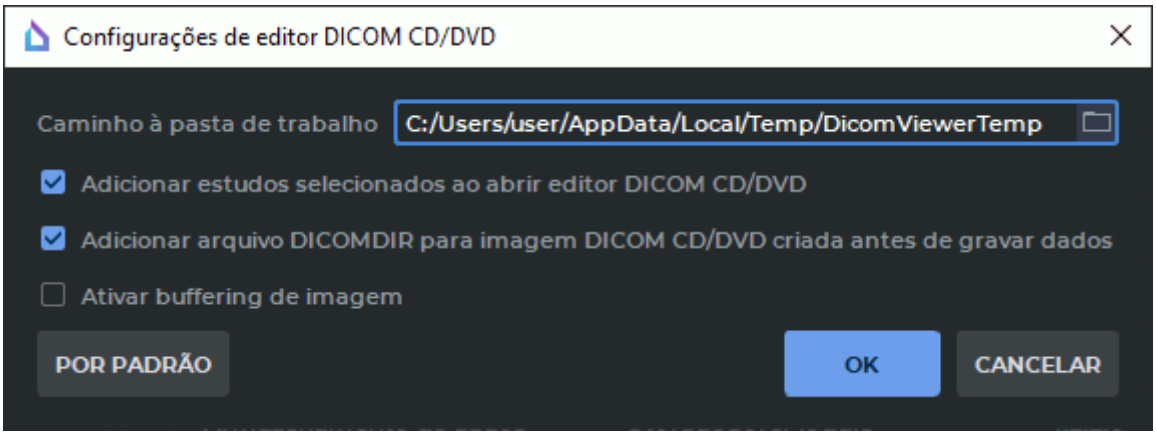


Figure 16.5: Janela de diálogo «Configurações de editor DICOM CD/DVD»

16.7.8 Set Up Series fusion Module

Selecione na lista **«Módulos instalados»** o módulo **«Fusão de séries»** e clique no botão **«CONFIGURAÇÕES»**.

Na aba **«Controladores»** é utilizado para configurar as acções executadas pelo rato.

16.7.9 Configurando o módulo de «Análise PET»

Selecione o módulo **«Análise PET»** na lista **«Módulos instalados»** e clique no botão **«CONFIGURAÇÕES»**. Os seguintes parâmetros são configurados na janela:

Na aba **«Geral»**:

- **«Ativar modo SUV automaticamente»**;
- **«Tabela de consulta de cores de camada MIP»** por padrão;
- a borda superior da janela. As opções disponíveis são **«Valor máximo de SUV»** e **«Percentagem máxima de janela»**;
- **«Modalidade de primeira camada»** da janela PET+CT por padrão;
- **«Tabela de consulta de cores de camada PET»** da janela PET+CT por padrão;
- **«Opacidade de camada CT (%)»** da janela PET+CT por padrão;
- **«Opacidade de camada PET (%)»** da janela PET+CT por padrão;
- **«Perguntar antes de excluir todas as anotações e medidas»** ativar/desativar confirmação de exclusão de anotações e medições.

Na aba **«Controle MIP»** os movimentos da roda e do mouse estão vinculados a ações na janela MIP, na aba **«Controle 2D»**, a ações nas janelas CT e PET. Mais detalhes na Seção 16.7.10.

As configurações são aplicadas na próxima vez que você abrir a janela de **«Análise PET»**.

Para restaurar as configurações padrão, clique no botão **«POR PADRÃO»**.

16.7.10 Personalizar as ações do rato

No separador **«Controladores»** da janela de configuração dos módulos **«Visualizador de imagens»**, **«Reconstrução 3D»**, **«Análise de vasos»** e **«Análise PET»** o utilizador pode configurar os botões a roda e os movimentos do rato podem ser associados às operações predefinidas nas janelas dos respetivos separadores.

No bloco **«Atribuições da roda do rato»**, o utilizador pode configurar as operações que são executadas por defeito quando a roda é rodada com ou sem a tecla modificadora.

Para ativar a operação selecionada, colocar a bandeira na coluna **«Ativada»** contra a mesma. Se necessário, na coluna **«Modificador»**, selecione a tecla modificadora para a operação selecionada no menu pendente.

O bloco **«Atribuições dos botões do rato»** permite configurar as operações que são executadas por defeito quando se clica no botão do rato selecionado com ou sem a tecla com ou sem a tecla modificadora.

Para atribuir um botão do rato à operação selecionada, selecione-o no menu pendente da coluna **«Botões pressionados»**. Se necessário, na coluna **«Modificador»** selecione a tecla modificadora para a operação selecionada a partir do menu pendente.

Se a combinação selecionada já existir, as linhas correspondentes são destacadas a vermelho.

As combinações de teclas de roda e do rato atribuídas são aplicadas por predefinição nas janelas apenas dos separadores que corresponde ao módulo que está a ser personalizado.

Se uma ferramenta no painel DICOM Viewer for ativada por um botão do rato, a execução da operação atribuída a este botão do rato é ignorada. A execução da operação operação atribuída só é possível após a desativação da ferramenta na barra de ferramentas.

16.8 Seção «Teclas de atalho»

Nesta seção, as teclas de atalho são configuradas para várias ações. Para configurar as teclas de atalho, siga estas etapas:

1. Selecione o menu **«Opções»** e o item **«Configurações...»**.

2. Abra a seção **«Teclas de atalho»**. A caixa de diálogo mostrada na Fig. 16.6.

3. Selecione a ação desejada na tabela. Se necessário, digite no campo **«Filtro»** o nome da ação ou as teclas de atalho definidas para filtrar a lista. Se as teclas de atalho forem definidas para a ação selecionada, elas serão exibidas na coluna **«Sequência de teclas»**.

4. Altere ou defina as teclas de atalho de uma das seguintes maneiras:

   - altere o valor no campo **«Sequência de teclas»** ou
   - pressione o botão **«GRAVAÇÃO»**, em seguida pressione a combinação de teclas desejada no teclado e, para finalizar, pressione o botão **«INTERROMPER GRAVAÇÃO»**.

   O valor inserido é imediatamente exibido na tabela na coluna **«Sequência de teclas»**.

5. Para remover um atalho de teclado, exclua-o no campo **«Sequência de teclas»**.

6. Se o atalho de teclado inserido já estiver definido para outra ação, aparecerá um aviso, conforme mostrado na Fig. 16.7, e o valor na coluna **«Sequência de teclas»** da tabela é exibido em vermelho. Para descobrir a qual ação corresponde o atalho de teclado inserido, clique em **«Mostrar»**. Não defina as mesmas teclas de atalho para ações executadas na mesma janela. Se o valor inserido não puder ser aplicado, aparecerá um aviso, conforme mostrado na Fig. 16.8.
7. Para restaurar o valor original da ação selecionada, clique no botão **«REINICIAR»**.
8. Para restaurar o valor original de todas as ações, clique no botão **«REINICIAR TUDO>**.
9. Clique no botão **«OK»**, para aplicar as alterações e fechar a janela, **«APLICAR»** para aplicar as alterações ou **«CANCELAR»** para descartar as alterações.
10. Na janela de confirmação da reinicialização, clique em **«SIM»** para reiniciar ou em **«NÃO»** para cancelar a reinicialização e continuar trabalhando.

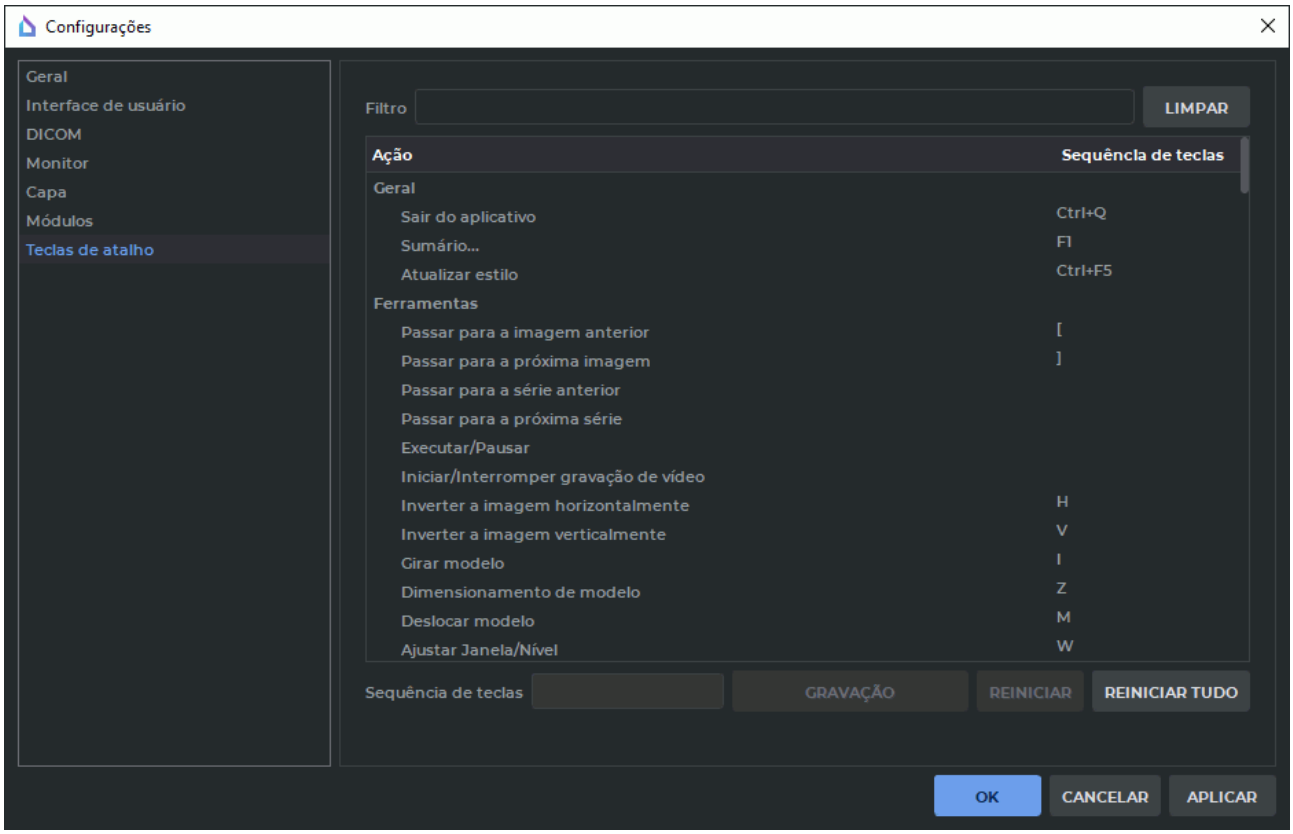


Figure 16.6: Janela para configuração de teclas de atalho

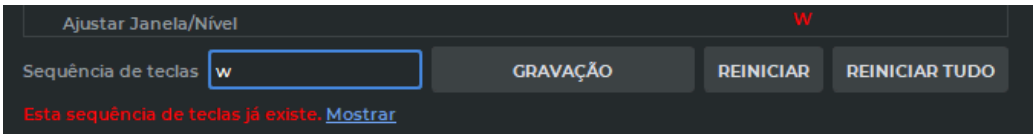


Figure 16.7: Aviso de atalho repetido

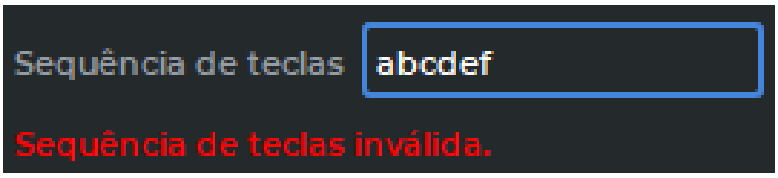


Figure 16.8: Aviso de combinação de teclas proibida

Os tipos de teclas de atalho são descritos na tabela a seguir

Tipo de teclas de atalho	**Designação**
Tecla única: qualquer tecla alfanumérica ou tecla de função	Chave única, por exemplo: **«A»** ou **«F5»**
Atalho de teclado: duas teclas pressionadas ao mesmo tempo. O primeiro é **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS), **Alt** (ou a tecla **Option** para o macOS)ou **Shift**, o segundo é qualquer tecla alfanumérica ou tecla de função.	Duas teclas simples conectadas por um símbolo **«+»**, por exemplo: **«Ctrl+S»** (**«Command + S»** para o macOS) ou **«Shift+F5»**
Sequência de várias teclas ou atalhos de teclado: teclas (atalhos de teclado) são pressionadas uma após a outra	Teclas alfanuméricas ou teclas de função, combinações separadas por vírgulas, por exemplo: **«A,B,C»** ou **«Ctrl+F1,Ctrl+F2»** (**«Command+F1, Command+F2»** para o macOS)

16.9 Importando e exportando configurações

16.9.1 Exportar configurações

As configurações de exportação permitem que você salve as configurações atuais do DICOM Viewer em um arquivo. Para exportar as configurações, siga estas etapas:

1. Selecione o menu **«Opções»** e o item **«Exportar configurações»**. A caixa de diálogo Salvar arquivo será aberta.

2. Selecione o local onde deseja salvar o arquivo de configurações e insira um nome de arquivo.

3. Para salvar o arquivo com as configurações, clique no botão **«Salvar»**. Para cancelar o salvamento, clique no botão **«Cancelar»**.

16.9.2 Importar configurações

As configurações de importação permitem que você aplique as configurações feitas anteriormente e salvas em um arquivo. Para importar configurações, faça o seguinte:

1. Selecione o menu **«Opções»** e o item **«Importar configurações»**. O DICOM Viewer solicita a confirmação desta ação, pois todas as configurações atuais são perdidas após a importação. Clique no botão **«SIM»** para continuar ou clique no botão **«NÃO»** para cancelar a importação.

2. Se**«SIM»** for pressionado, uma caixa de diálogo para selecionar um arquivo com configurações será aberta. Selecione o arquivo necessário.

3. Para importar, clique no botão **«Abrir»**. O DICOM Viewer é reiniciado e as configurações são aplicadas. Para cancelar a importação, clique no botão **«Cancelar»**.

16.9.3 Importação de tabelas de cores

A importação das tabelas de cores permite utilizar as tabelas de cores dos usuários, por exemplo, criadas por outros usuários ou em versões mais novas do DICOM Viewer.

As tabelas de cores são salvas no arquivo *vt_config.xml*.

Para importar as tabelas de cores, copie o arquivo *vt_config.xml* para a pasta «Configs». A localização da pasta «Configs» depende do sistema operativo (mais detalhes na Secção **«Arquivos de serviço do programa»**).

Por exemplo, o usuário *Ivanov* possui arquivos de tabelas de cores do programa *Inobitec DICOM Viewer* edição *«Pro»* versão 2.7.0 no sistema operacional *Windows* que se encontrarão na pasta:
C:\Users\Ivanov\AppData\Local \Inobitec \Inobitec DICOM Viewer Professional Edition 2.7.0\Configs

Chapter 17

Visualização de tags DICOM

17.1 Informações gerais sobre tags DICOM

As informações no arquivo DICOM são apresentadas como uma sequência de elementos que contêm informações sobre a imagem (gráficos etc.) e o último elemento contém a própria imagem (gráficos etc.). Cada elemento é composto por várias partes, em particular:

- **tag** é um identificador único de um elemento, composto por um par de valores escritos em notação hexadecimal, definindo o número do grupo e o número do elemento;
- **tipo de dados** — uma string contendo a abreviação do tipo de dados (2 caracteres);
- **comprimento do campo de dados**;
- **dados** — informação do elemento, incl. a própria imagem (gráfico, etc.).

Se o campo **«Dados»** contiver informações que não podem ser exibidas em forma de texto (por exemplo, uma imagem, um gráfico etc.), a coluna correspondente exibirá «Binary content. Hidden.» («Dados binários. Ocultos.»).

Se a tag for padrão, seu nome será exibido. Se a tag for reservada para qualquer fabricante de equipamento de diagnóstico ou for especificada incorretamente, **«Unknown Tag & Data»** será exibido em vez de seu nome. Para obter informações sobre os dados contidos nesta tag, consulte a documentação do equipamento de diagnóstico no qual a análise foi realizado. A tag **7fe0,0010 (PixelData)** contém uma imagem, gráfico ou outra informação visual.

Exemplos de elementos:

Nome	Tag	Tipo	VM	Texto
StudyDate	0008,0020	DA	8	20130107
StudyInstanceUID	0020,000d	UI	56	1.3.12.2.1107.5.2.6.24186. 30000013011710501018700000060

Nome	Tag	Tipo	VM	Texto
Modality	0008,0060	CS	2	MR
Unknown Tag & Data	0051,1009	LO	4	1.0
PixelData	7fe0,0010	OW	2	Binary content. Hidden.

17.2 Janela do visualizador de tags DICOM

Existem 4 maneiras de visualizar as tags DICOM de uma imagem:

1. Ao destacar a miniatura da série no painel de pesquisa e clicar no botão **«Mostrar as tags da imagem»** </> na barra de ferramentas (Seção 1.4).

2. Clicando com o botão direito do mouse no menu de contexto da miniatura da série e selecionando o item **«Mostrar as tags da imagem»**.

3. Selecionando na aba do menu principal **«Exibir»** o item **«Mostrar as tags da imagem»** (Seção 1.1).

4. Tendo aberto na aba **«Visualizador de imagens»** (Seção 2.31) uma série de análises clicando com o botão direito do mouse no menu de contexto e selecionando o item **«Mostrar as tags da imagem»**.

As séries de modalidades de ECG (ver Capítulo 11) e as séries que contêm protocolos (ver Capítulo 18) abrem-se nos respetivos separadores. Os documentos PDF são abertos num software de terceiros instalado no sistema operativo do utilizador. As séries que não estão em conformidade com a norma DICOM ou as séries para as quais não existem separadores especiais, são abertas no separador «Mostrar as tags da imagem».

A janela **«Visualizador de tags DICOM»** é mostrada na Fig. 17.1.

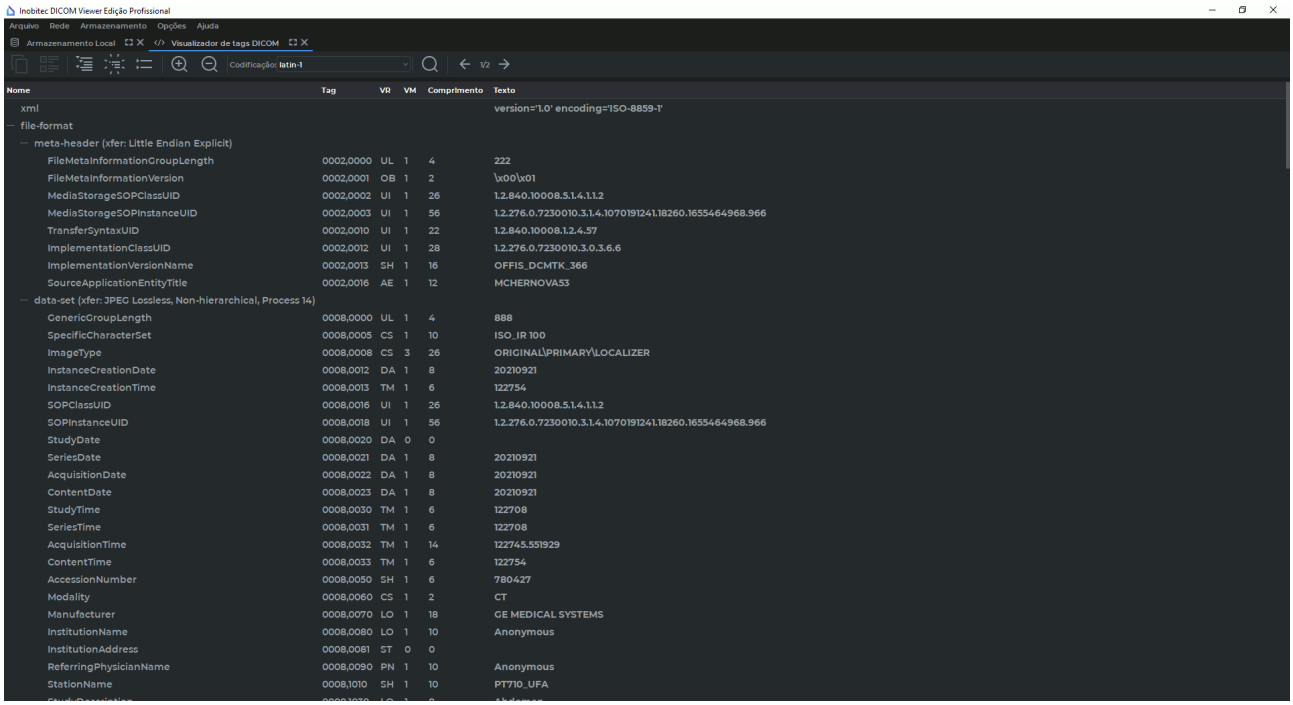


Figure 17.1: Aba de «Visualizador de tags DICOM»

17.2.1 Painel de ferramentas

A barra de ferramentas está localizada na parte superior da janela (Fig. 17.2).

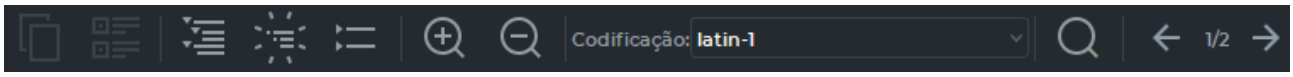


Figure 17.2: Barra de ferramentas

Ferramentas:

	O botão **«Copiar»** copia o conteúdo do campo selecionado para a área de transferência
	O botão **«Detalhes»** exibe todo o conteúdo do elemento em uma janela separada
	O botão **«Expandir tudo»** expande a árvore de tags
	O botão **«Exibição ótima»** apenas expande a árvore de tags até o nível 2
	O botão **«Recolher tudo»** minimiza completamente a árvore de tags

	O botão **«Ampliar»** aumenta o tamanho do texto
	O botão **«Reduzir»** reduz o tamanho do texto
	A lista pendente **«Conjunto de caracteres»** permite selecionar a codificação na qual exibir os dados. Por padrão, a codificação especificada no arquivo DICOM é selecionada
	O botão **«Pesquisar»** abre/fecha a barra de pesquisa na parte inferior da janela
	O botão **«Passar para a imagem anterior»** exibe as tags DICOM para a imagem anterior da série
1/20	O indicador de imagem exibe o número da imagem atual e o número total de imagens na série. O número é atribuído à imagem pelo equipamento de diagnóstico e pode não corresponder ao número de série da imagem na janela de visualização de imagens planas
	O botão **«Passar para a próxima imagem»** exibe as tags DICOM da próxima imagem da série

17.2.2 Árvore de tags

A árvore de tags está localizada abaixo da barra de ferramentas. Se várias tags forem combinadas em um grupo, o grupo se expandirá e as tags dentro dele serão exibidas. Os grupos podem ser aninhados uns dentro dos outros. Para expandir um grupo, clique no **+** à esquerda de seu nome, e para recolher, em **-**. Para expandir todos os grupos, clique no botão **«Expandir tudo»** na barra de ferramentas, e para recolher todos os grupos, clique no botão **«Recolher tudo»**, para expandir apenas grupos de nível 2, prima o botão **«Exibição ótima»**.

A edição de etiquetas não está disponível. Os dados do separador DICOM tag view podem ser copiados para a área de transferência e depois colados no editor de protocolos (consulte o Capítulo 18) ou em qualquer editor de texto.

Para copiar o valor do campo de um elemento, selecione-o com o botão esquerdo do mouse e clique no botão **«Copiar»** na barra de ferramentas ou selecione o item **«Copiar»** no menu de contexto.

17.2.3 Pesquisar

Para abrir a barra de pesquisa, clique no botão **«Pesquisar»** na barra de ferramentas. O painel é aberto na parte inferior da janela. Para fechar o painel, clique na cruz à direita ou no botão **«Pesquisar»**.

A pesquisa é realizada em qualquer dado contido no elemento. Para pesquisar , insira o texto que deseja localizar no campo **«Localizar:»**. Os elementos que possuem valores pelo menos parcialmente correspondentes são destacados em verde, o primeiro elemento encontrado é destacado em laranja. Se nenhuma correspondência for encontrada, o texto

inserido ficará vermelho. O número do elemento encontrado selecionado e o número total de elementos encontrados são exibidos à direita. Para mover para o próximo item encontrado, clique no botão **«Próxima»** para navegar, e para o anterior, no botão **«Anterior»**. Para realizar uma pesquisa com distinção entre maiúsculas e minúsculas, marque a opção **«Diferenciar maiúsculas de minúsculas»**. Para destacar todos os valores encontrados, defina a opção **«Realçar tudo»** (marcado por padrão).

17.3 Anonimização de análises e séries

A anonimização é possível para análises localizados no repositório local ou abertas de uma pasta ou de um CD.

Na versão 2.15 do DICOM Viewer a lista de etiquetas anonimizadas por defeito foi alargada. Se a lista de etiquetas tiver sido alterada pelo utilizador da versão do DICOM Viewer até à versão 2.14, inclusive, as novas etiquetas não serão adicionadas à lista de etiquetas anonimizadas por defeito. A lista completa de etiquetas anonimizadas por defeito é restaurada depois de clicar no botão **«POR PADRÃO»** na caixa de diálogo **«Anonimização»** (Fig. 17.3) e, em seguida efetuar a anonimização. Se necessário, edite a lista de etiquetas a serem anonimizadas por defeito (descrita abaixo).

As informações armazenadas nas seguintes etiquetas são substituídas por «Anonymous» por defeito ou eliminados:

- **(0010,0010) PatientName** (nome do paciente);
- **(0010,0030) PatientBirthDate** (data de nascimento do doente);
- **(0010,0040) PatientSex** (género do doente);
- **(0010,1010) PatientAge** (idade do paciente);
- **(0008,0080) InstitutionName** (nome da instituição onde foi realizada a análise);
- **(0008,0081) InstitutionAddress** (endereço da instituição onde foi realizada a análise);
- **(0008,0090) ReferringPhysicianName** (nome do médico que trata o paciente);
- **(0008,1050) PerformingPhysicianName** (nome do médico que comanda o processo da análise);
- **(0008,1070) OperatorsName** (nomes da equipe da análise);
- **(0008, 1010) StationName** (o nome do posto de trabalho em que o estudo foi efectuado);
- **(0018,1030) ProtocolName** (nome do protocolo);
- **(0008,1090) ManufacturerModelName** (modelo de equipamento).

Valor da tag **(0010,0020) PatientID** (ID do paciente) é alterado para um valor alfanumérico arbitrário.

Para anonimizar valores armazenados em outras tags, essas tags devem ser adicionadas à lista (descrita abaixo).

Quando as séries são tornadas anónimas, são gerados novos seriesInstanceUIDs por defeito para as etiquetas (0008,0018) SOPInstanceUID e (0020,000e) SeriesInstanceUID são geradas por defeito com novos valores. Se um estudo for anónimo, o valor da etiqueta (0020,000d) StudyInstanceUID.

Para anonimizar uma análise, siga estas etapas:

1. Selecione um ou mais análises do repositório local, pasta ou CD.

2. Selecione o comando **«Criar cópias anonimizadas dos estudos selecionados...»** na seção **«Estudos»** do menu principal. A caixa de diálogo abre-se **«Anonimização»** (Fig. 17.3).

3. Para adicionar uma tag de anonimato, digite o número do grupo no campo **«Grupo»**, digite o número da tag no campo **«Elemento»** e clique no botão . As tags adicionadas são salvas na lista após a anonimização ser realizada (Fig. 17.3).

4. Para excluir uma tag adicionada, clique no botão à direita do nome da tag na tabela.

5. As informações armazenadas em tags são substituídas por a «Anonymous» por padrão. Para alterar o valor de texto de uma tag, clique com o botão esquerdo no campo de entrada e insira um novo valor.

   Atenção! O formato dos dados de entrada deve estar de acordo com o padrão DICOM.

6. Para desativar o anonimato das tags sem excluí-las da lista, limpe a opção na linha de tags selecionadas. Os sinalizadores são definidos por padrão em todas as tags adicionadas à lista de anonimização.

7. Para restaurar a lista de tags anônimas por padrão, clique no botão **«POR PADRÃO»**.

8. Para anonimizar, clique em **«OK»**, para cancelar a ação, clique em **«CANCELAR»**.

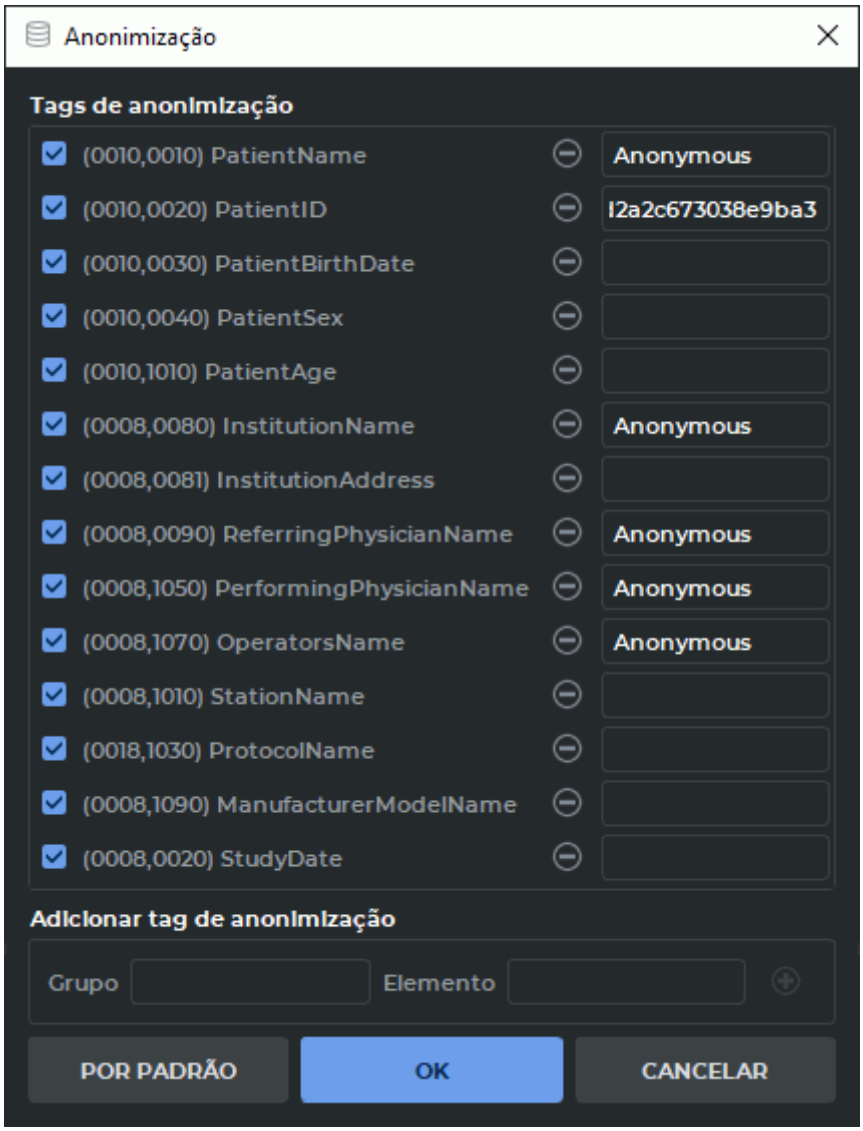


Figure 17.3: Diálogo de «Anonimização»

Se outras tags contiverem dados que correspondam aos dados contidos nas tags anônimas, aparecerá um aviso correspondente (Fig. 17.4).

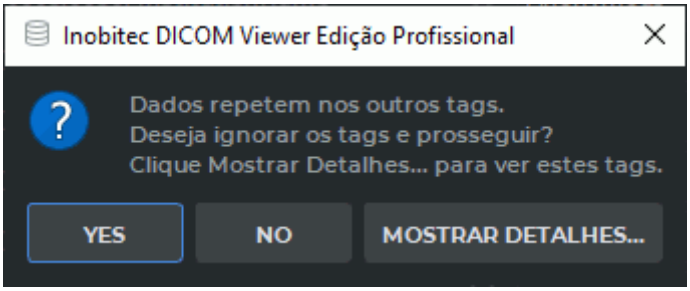


Figure 17.4: Aviso de Dados Duplicados

Para visualizar tags que contêm dados que correspondem aos dados nas tags que estão sendo anonimizadas, clique no botão **«MOSTRAR DETALHES...»**. Para salvar a análise, deixando os dados dessas tags inalterados, clique no botão **«SIM»**. Para alterar o valor das tags especificadas, clique no botão **«NÃO»** e adicione as tags listadas à lista de anonimizadas.

No diálogo **«Anonimização»** (Fig. 17.3), as tags são adicionadas automaticamente com dados que correspondem aos dados nas tags anônimas. Por padrão, as tags adicionadas são marcadas com sinalizadores. Para anonimizar, clique em **«OK»**, e para cancelar a ação, clique em **«CANCELAR»**.

As análises selecionadas são anonimizadas e armazenadas no repositório local com o nome do paciente «Anonymous».

Para tornar anônimas as séries selecionadas, faça o seguinte:

1. Selecione uma análise do repositório local, pasta ou CD.
2. Selecione a série a ser anonimizada. O trabalho com o painel de série é descrito na Seção 1.10.
3. Selecione na seção **«Série»** do menu principal o comando **«Criar cópia anonimizada de série...»**.
4. Para adicionar uma tag de anonimato, digite o número do grupo no campo **«Grupo»**, digite o número da tag no campo **«Elemento»** e clique no botão . As tags adicionadas são salvas na lista após a anonimização ser realizada (Fig. 17.3).
5. Para excluir uma tag adicionada, clique no botão à direita do nome da tag na tabela.
6. As informações armazenadas em tags são substituídas por «Anonymous» por padrão. Para alterar o valor de texto de uma tag, clique com o botão esquerdo no campo de entrada e insira um novo valor.

   Atenção! O formato dos dados de entrada deve estar de acordo com o padrão DICOM.

7. Para restaurar a lista de tags anônimas por padrão, clique no botão **«POR PADRÃO»**.
8. Para anonimizar, clique em **«OK»**, para cancelar a ação, clique em **«CANCELAR»**.

Quando as séries são tornadas anónimas, são gerados novos seriesInstanceUIDs por defeito para as etiquetas (0008,0018) SOPInstanceUID e (0020,000e) SeriesInstanceUID são geradas por defeito com novos valores.

As séries selecionadas são anonimizadas e adicionadas à análise atual com o «anonymized».

Certifique-se de que nenhum dado pessoal do paciente permaneça em tags não padrão e que os dados anônimos sejam gravados em tags padrão

Chapter 18

Editor de protocolos

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

No editor de protocolos do DICOM Viewer, o utilizador pode criar, editar e guardar documentos médicos, por exemplo, protocolos, relatórios, etc. Os documentos criados no Inobitec DICOM Viewer podem ser abertos para leitura e edição no Inobitec DICOM Viewer.

No editor de protocolos do DICOM Viewer, pode formatar texto, criar e editar tabelas, inserir imagens e inserir imagens e editar tabelas, inserir imagens a partir da área de transferência. Os protocolos de utilizador criados são armazenados sob a forma de uma série SR especial no armazenamento local e podem ser exportados como ficheiros pdf ou DICOM DOC-series.

18.1 Janela do editor

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A janela do editor é mostrada na Fig. 18.1. As janelas e ferramentas para editar o texto do editor de protocolos e do editor de modelos são idênticas.

O DICOM Viewer permite ao utilizador alterar os limites da janela do editor. Para o fazer mova o cursor do rato sobre um dos limites de modo a que o cursor se pareça com ⟷ ou ↕ e mantenha premido o botão esquerdo do rato e mova o limite da janela. O novo tamanho da janela é guardado no programa e definido no próximo lançamento do editor.

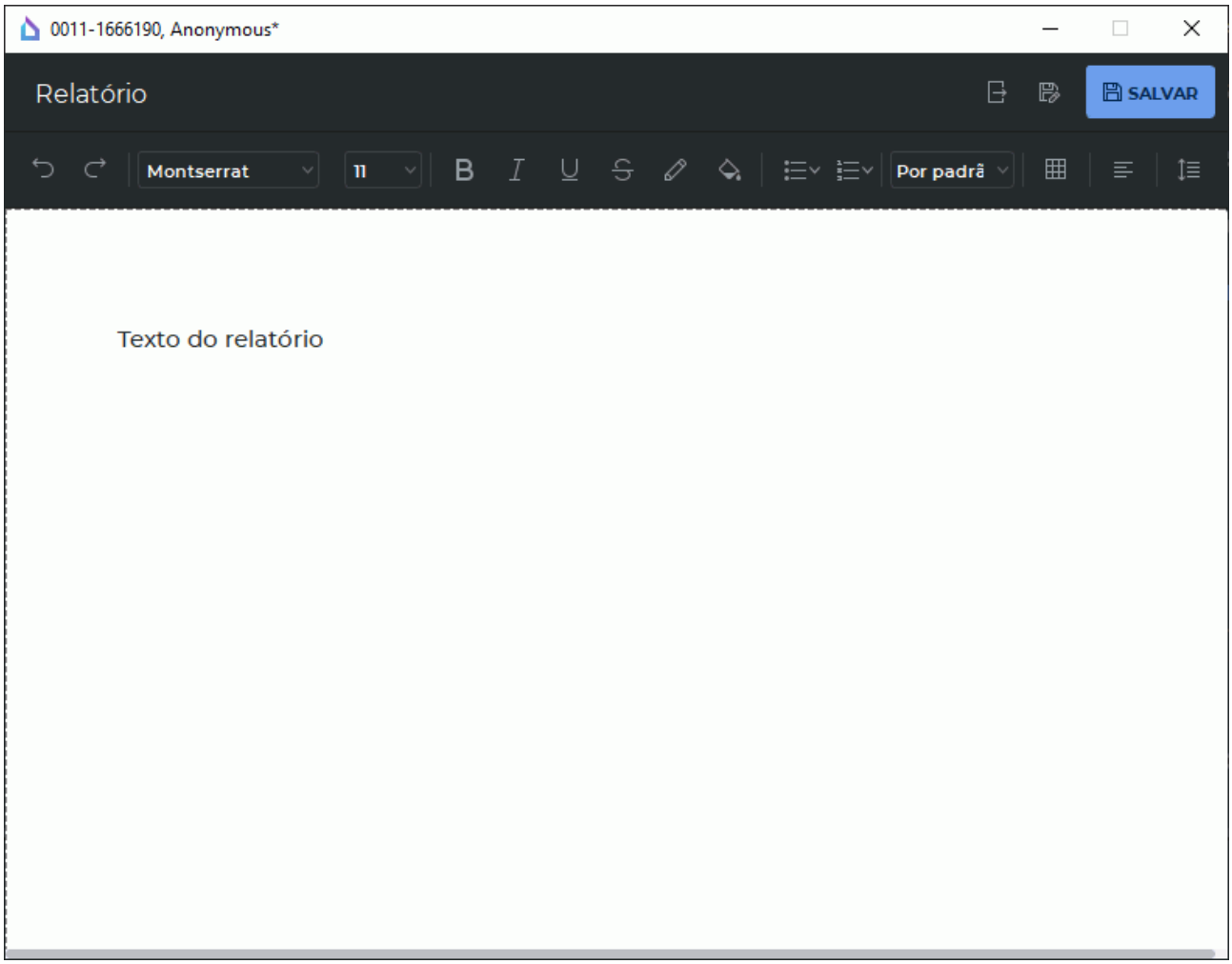


Figure 18.1: Janela do editor

18.1.1 Barra de ferramentas

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A barra de ferramentas está localizada na parte superior da janela do editor (Fig. 18.1).

No canto superior esquerdo da barra de ferramentas existe um campo onde o utilizador introduz o nome do documento.

Não é permitido introduzir o nome:

- símbolos **:**, >, <, **?**, *, |, **"**, \, /, +, **%**, **!**, **@**;
- um espaço no início de um nome;
- um espaço ou ponto no fim do nome.

Ignorar esta regra ao tentar guardar um modelo ou exportar um protocolo para um ficheiro pdf para um ficheiro pdf dará origem a um erro.

Os botões estão localizados na parte superior do editor:

	O botão **«Exportar»** da janela do editor de protocolos abre o menu para exportar o protocolo para um ficheiro pdf ou para uma série DICOM DOC (ver Secção 18.2.4). Na janela do editor de modelos, o botão abre a caixa de diálogo para exportar o modelo modelo de protocolo para um ficheiro (ver Secção 18.3.3).
	O botão **«Salvar como»** na janela do editor de protocolos cria uma nova série SR com o protocolo (ver Secção 18.2.3). O botão cria um novo modelo na janela do editor de modelos de protocolo (ver Secção 18.3.5).
	O botão **«SALVAR»** na janela do editor de protocolos guarda o protocolo no estudo atual como uma nova série. Os cliques subsequentes no botão guardam as alterações na série atual (ver Secção 18.2.3). Na janela do editor de modelos, o botão guarda as alterações ao modelo atual (consulte a Secção 18.3.5).
	O botão **«Desfazer»** cancela a última alteração efectuada no editor de protocolos/modelos.
	O botão **«Refazer»** repete a última ação cancelada no editor de protocolos/modelos.

18.1.2 Ferramentas de edição de texto

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

A barra de ferramentas do editor contém ferramentas de edição de texto. As ferramentas de edição de texto no editor de protocolos e no editor de modelos têm uma funcionalidade semelhante.

- lista pendente de famílias de tipos de letra. Contém uma lista de todas as famílias de tipos de letra, disponíveis no programa;
- lista pendente do tamanho do tipo de letra. Contém os tamanhos de letra mais utilizados mais utilizados e também permite introduzir manualmente o tamanho de letra pretendido;
- botões para alterar visualmente o estilo de apresentação dos caracteres e do texto:
  - **«Negrito»** B ;
  - **«Itálico»** I ;
  - **«Sublinhado»** U ;

  - **«Tachado»** .

  A alteração do estilo é aplicada ao texto selecionado ou ao texto introduzido.

- o botão **«Cor da fonte»** é utilizado para alterar a cor do tipo de letra. As alterações de estilo são aplicadas ao símbolo ou fragmento de texto selecionado;

- o botão **«Cor do realce»** é utilizado para alterar a cor de fundo por trás do texto. Alterações são aplicadas ao carácter ou fragmento de texto selecionado;

- o botão **«Lista com marcadores»** cria uma lista com marcadores. Estão disponíveis os seguintes tipos de marcadores:

  - **«círculo negro»** (utilizado por defeito);
  - **«círculo branco»**;
  - **«quadrado negro»**.

- para criar uma lista numerada, prima o botão **«Lista organizada»** . Estão disponíveis os seguintes estilos de numeração disponíveis:

  - **«números»** (utilizado por defeito);
  - **«algarismos romanos»**;
  - **«algarismos romanos»**;
  - **«caixa baixa»**;
  - **«caixa alta»**.

- Uma lista pendente de estilos de letra predefinidos (tamanho da letra e letras) constituída por:

  - **«Por padrão»** (tamanho da fonte: 11, estilo de letra: desativado);
  - **«Título 1»** (tamanho da fonte: 22, estilo de letra: negrito);
  - **«Título 2»** (tamanho de letra: 17, estilo de escrita: negrito);
  - **«Título 3»** (tamanho do tipo de letra: 13, estilo de escrita: negrito);
  - **«Título 4»** (tamanho do tipo de letra: 11, estilo de escrita: negrito);
  - **«Título 5»** (tamanho do tipo de letra: 9, estilo de escrita: negrito);
  - **«Título 6»** (tamanho da fonte: 8, estilo de letra: negrito).

- o botão **«Inserir tabela»** destina-se a inserir tabelas no documento. ao premir o botão ao clicar no botão, aparece uma janela de diálogo onde são definidos os parâmetros da tabela (Fig. 18.2).

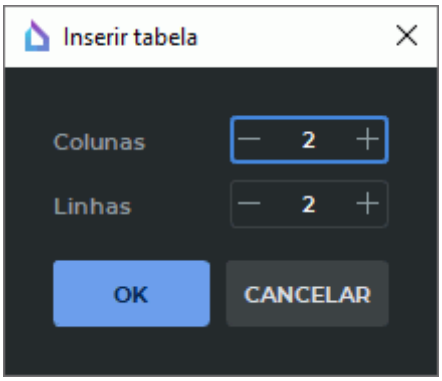


Figure 18.2: Janela de diálogo para definir os parâmetros da tabela

Se o cursor de texto estiver deslocado do início da linha, a tabela é inserida na linha seguinte. Por defeito, todas as colunas da tabela têm a mesma largura. Para alterar Para alterar a largura de uma coluna, desloque uma das suas margens para a esquerda ou para a direita. A posição da borda esquerda da primeira coluna não pode ser alterada. A altura das linhas da tabela altera-se automaticamente consoante o conteúdo das células.

Os comandos para formatar as células da tabela são chamados a partir do menu de contexto. É permitido executar as seguintes ações:

- **fundir células**. Realce as células que pretende fundir. Para o fazer Coloque o cursor na primeira célula e mantenha premido o botão esquerdo do rato. Com o botão esquerdo do rato, mova o cursor sobre o intervalo de células de interesse. Clique no botão botão direito do rato e selecione **«Masclar células»** no menu de contexto;
- **separação de células**. Coloque o cursor na célula que pretende dividir, ou selecione um intervalo de células. Clique com o botão direito do rato e selecione **«Dividir células»** no menu de contexto. Este comando destina-se apenas para dividir células mescladas;
- **inserir linhas**. Coloque o cursor na célula perto da qual pretende inserir uma linha, ou selecione várias linhas. Clique com o botão direito do rato e selecione uma das opções **«Inserir linhas acima»** ou **«Inserir linhas abaixo»** no menu de contexto. Se tiver sido selecionada uma célula, será adicionada uma linha. Se tiverem sido selecionadas várias linhas, será adicionado o mesmo número de linhas à tabela;
- **inserir colunas**. Coloque o cursor na célula junto à qual pretende inserir uma coluna, ou selecionar várias colunas. Clique com o botão direito do rato e, no menu de contexto, selecione um dos itens **«Inserir colunas à esquerda»** ou **«Inserir colunas à direita»**. Se tiver sido selecionada uma única célula, então será adicionada uma coluna. Se tiver sido selecionada mais do que uma coluna, será adicionada a mesma coluna à tabela;
- **eliminar linhas**. Coloque o cursor na célula da linha a ser eliminada ou selecione várias linhas. Clique com o botão direito do rato e selecione **«Remover linhas»** no menu de contexto. Se uma linha tiver sido selecionada uma célula, uma linha que

continha a célula selecionada será eliminada.Se forem selecionadas várias linhas, essas linhas serão eliminadas;

- **eliminar colunas**. Coloque o cursor na célula da coluna que pretende eliminar ou selecione várias colunas. Clique com o botão direito do rato e selecione **«Remover colunas»**. no menu de contexto. Se tiver selecionado uma célula, a coluna em que se encontrava será eliminada. Se tiver selecionado várias colunas várias colunas estiverem selecionadas, estas colunas serão eliminadas;;
- **apagar uma tabela**. Coloque o cursor numa das células da tabela. Clique no botão direito do rato e selecione **«Remover tabela»** no menu de contexto.

• o botão **«Alinhamento»** permite-lhe alinhar o texto do parágrafo selecionado. Estão disponíveis as seguintes opções:

- **«Alinhar à esquerda»** é definida por defeito;
- **«Centralizar»** ;
- **«Alinhar à direita>** ;
- **«Justificar»** .

• o botão **«Espaçamento de linhas»** é utilizado para definir o espaçamento entre linhas do parágrafo atual, bem como para definir a indentação antes e depois do parágrafo. Ao premir o botão é apresentada a janela de diálogo com as definições (Fig. 18.3).

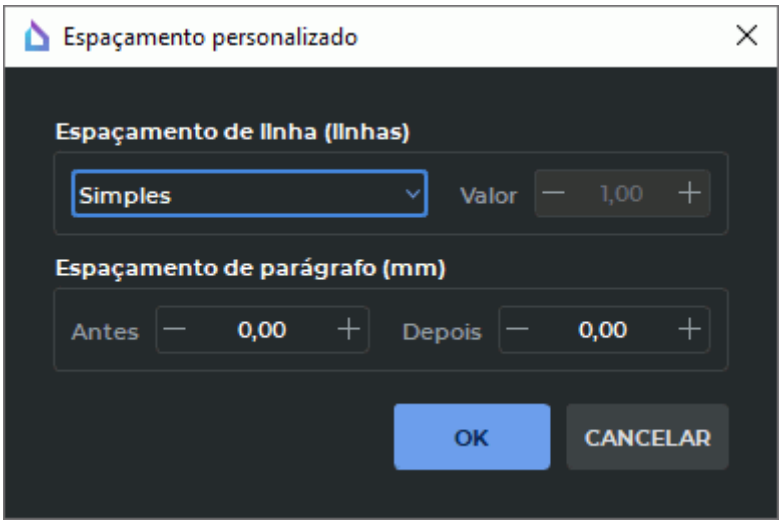


Figure 18.3: Caixa de diálogo das definições de espaçamento

As seguintes opções estão disponíveis na lista pendente de espaçamento entre linhas:

- **«Simples»**. Utilizado por defeito;

- **«Proporcional»**. O intervalo é calculado como o produto da altura da fonte e o número especificado no campo **«Value»**. Intervalo de valores: 1,0 - 10,0;
- **«Fixo»**. Define o valor exato da altura da linha em milímetros. Gama de valores: 0,5 - 120,0;
- **«Minimo»**. Define o valor mínimo da altura da linha em milímetros. Gama de valores: 0,5 - 120,0;
- **«Espaçamento entre linhas»**. Define a distância adicional entre linhas em milímetros. Gama de valores: 0,5 - 120,0.

No bloco **«Espaçamento de parágrafo (mm)»**, o utilizador define o espaçamento antes e depois do parágrafo atual. A gama de valores é de: 0,0 - 120,0.

18.2 Ações no âmbito do protocolo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite ao utilizador criar protocolos em branco (Secção 18.2.1) e protocolos baseados em modelos pré-criados (Secção 18.2.2).

18.2.1 Criar um protocolo vazio

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

É possível criar um novo protocolo vazio no separador da lista de ensaios de três formas:

1. Realce um estudo no painel de estudos. Selecionar uma série de estudos no painel de séries. Clicar na seta do lado direito do botão **«Relatório»** na barra de ferramentas e, no menu pendente do botão (Fig. 18.4), selecione o item **«Relatório vazio»**.

2. Clique com o botão direito do rato na miniatura da série e, no menu de contexto, selecione **Relatório**->**Relatório vazio**.

3. Realçar a miniatura da série no painel de séries. Selecione o menu principal **Exibir**->**Relatório**->**Relatório vazio**.

Selecione a série no painel de séries e clique na seta do lado direito do botão **«Relatório»** na barra de ferramentas. No menu pendente do botão (Fig. 18.4) selecione **«Relatório vazio»**.

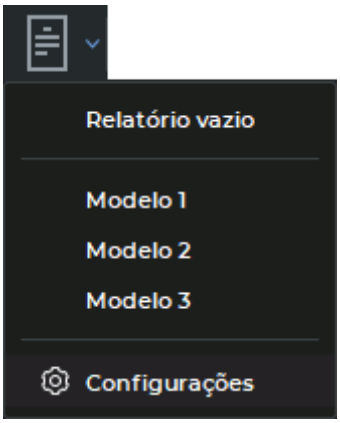


Figure 18.4: Menu pendente do botão «Relatório»

É criado um protocolo vazio com o nome **«Relatório»**. O título da janela do editor de protocolos é gerado a partir dos valores *<Patient ID>,<Patient name>* do estudo atual. Informações sobre a criação de um protocolo com base num modelo são descritas na Secção 18.2.2.

18.2.2 Criar um protocolo com base num modelo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para criar um relatório com base num modelo, realce a miniatura da série e clique na seta do lado direito do botão **«Relatório»** na barra de ferramentas. No menu suspenso (Fig. 18.4), selecione o modelo pretendido na lista. O ecrã do DICOM Viewer do editor de protocolos com base no modelo selecionado. Informações detalhadas sobre os modelos (a sua criação, edição, gravação, exportação) são descritas na Secção 18.3.

Para selecionar um modelo a utilizar por defeito na criação de um protocolo, clique na seta do lado direito do botão **«Relatório»** da barra de ferramentas. Selecione **«Configurações»** no menu pendente do botão.

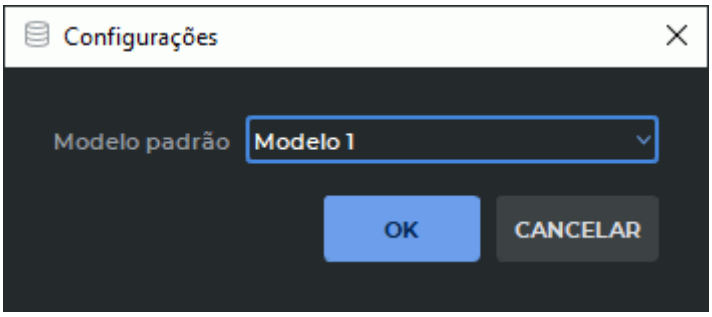


Figure 18.5: Diálogo de seleção do modelo predefinido

Na caixa de diálogo de configuração aberta (Fig. 18.5), selecione na lista o modelo a utilizar por defeito. Prima **«OK»** para guardar ou **«CANCELAR»** para cancelar.

O clique seguinte no lado esquerdo do botão **«Relatório»** criará um relatório com base no modelo que foi selecionado por defeito.

18.2.3 Guardar um protocolo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Se existirem alterações não guardadas no texto ou no nome do protocolo, a barra de título da janela do editor de protocolos apresenta o símbolo **«*»**.

Para guardar o protocolo, clique no botão **«SALVAR»** na barra de ferramentas do editor. O protocolo é guardado no estudo atual como uma série especial com a modalidade **SR**. O nome e a descrição da série correspondem ao nome do protocolo. Quando cliques subsequentes no botão **«SALVAR»** guardam as alterações na série de SR atual. A miniatura da série que contém o protocolo é apresentada na Fig. 18.6.

Figure 18.6: Miniatura de uma série que contém o protocolo

Para criar uma nova série de RS com um protocolo, clicar no botão **«Salvar como»** na barra de ferramentas do editor. Na caixa de diálogo que se abre, introduzir um nome para o novo protocolo. Por predefinição, a caixa de diálogo apresenta o nome do protocolo atual ou de um protocolo modificado, se o atual for inválido. O trabalho continuará na nova série SR.

O nome de um protocolo é inválido se coincidir com o nome de outro protocolo ou se contiver caracteres inválidos (ver Secção 18.1.1).). Ao guardar um protocolo o programa substitui automaticamente os caracteres inválidos do nome do ficheiro por «_», os espaços no início e os pontos no fim do nome são eliminados. No caso de nomes de protocolos correspondentes, é acrescentado um valor numérico ao nome do ficheiro é acrescentado um valor numérico entre parênteses.

18.2.4 Exportar um protocolo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite-lhe exportar o protocolo para um ficheiro pdf ou para uma série DICOM DOC

Para exportar o protocolo para um ficheiro pdf, clique no botão **«Exportar»** na barra de ferramentas do editor e selecione **«Exportar para arquivo PDF...»**. Na caixa de diálogo do sistema que se abre, selecione o local onde pretende guardar o ficheiro pdf do protocolo e introduza o nome do ficheiro. Selecione o protocolo e introduza o nome do ficheiro. O nome de ficheiro predefinido é definido como nome do protocolo. Clique no botão **«Salvar»** para guardar o ficheiro pdf, ou clique em **«Cancelar»** para cancelar.

Se forem utilizados caracteres inválidos no nome do ficheiro, é apresentada uma caixa de diálogo com uma mensagem de erro (ver Secção 18.1.1).

Para exportar o protocolo para DICOM DOC-series, clique no botão **«Exportar»** na barra de ferramentas do editor e selecione **«Exportar para DICOM DOC...»**. Um nome de protocolo é inválido se coincidir com o nome de outro protocolo. No caso de nomes de protocolo coincidentes, é adicionado ao nome um valor numérico entre parênteses. Como resultado da exportação, é criada uma nova série com a modalidade **DOC**. Esta série é guardada no estudo atual.

18.2.5 Visualizar e editar o protocolo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

É possível abrir um protocolo criado anteriormente para visualização e edição de várias formas:

1. Clicando duas vezes com o botão esquerdo do rato na miniatura da série SR no painel das séries.
2. Realçando a miniatura da série SR e clicando no botão **«Relatório»** na barra de ferramentas.
3. Arrastar a miniatura da série SR para a janela da lista de estudos.
4. Arrastando a miniatura da série SR para a janela do visualizador de imagens planas.

Se o estudo ou a série que contém o protocolo estiver hospedada no servidor PACS, você deverá baixar o estudo ou a série selecionada que contém o relatório para o armazenamento local para visualizar o protocolo.

O relatório pode ser editado no que respeita ao seu conteúdo e ao seu nome. Guardar o protocolo editado (ver Secção 18.2.3).

18.3 Modelo de protocolo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite-lhe criar modelos de protocolo que facilitam ao utilizador a conclusão.

18.3.1 Criar um modelo vazio

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

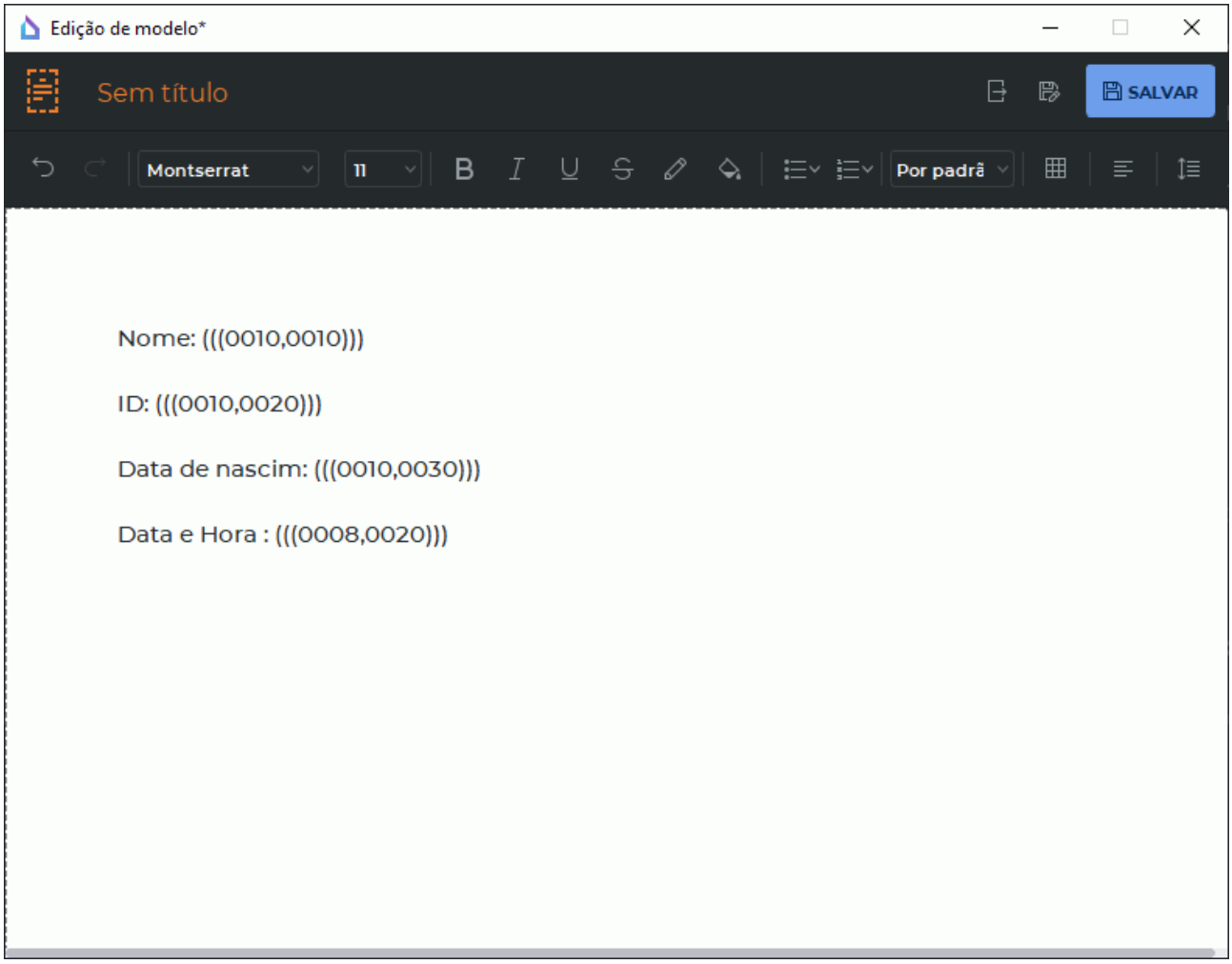


Figure 18.7: Edição do modelo de protocolo

Para criar um novo modelo de protocolo, selecione o menu principal **Arquivo**->**Modelo do relatório**->**Criar**->**Modelo vazio**. Por defeito, é criado um modelo de protocolo vazio com o

nome **«Sem título»**. A janela do editor de modelos difere da janela do editor de protocolos apenas pelo ícone no canto superior esquerdo, através do qual é possível distinguir visualmente o editor de modelos do editor de protocolos.

No modelo, as etiquetas DICOM podem ser especificadas para substituir os valores retirados da série. As designações de código das etiquetas são especificadas pelo utilizador utilizando vírgulas, sem espaços, e são colocadas entre parênteses triplos. No nosso exemplo da Fig. 18.7, as etiquetas são as seguintes tags para substituir os dados do doente e a data do estudo.

Ao criar um protocolo utilizando o modelo, as etiquetas entre parênteses triplos são substituídas pelos valores das etiquetas correspondentes da série selecionada.

18.3.2 Carregar um modelo de protocolo a partir de um ficheiro

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para carregar um modelo de protocolo a partir de um ficheiro, selecione o menu principal **Arquivo**->**Modelo do relatório**->**Criar**->**Carregar do arquivo...** Na caixa de diálogo padrão do sistema, selecionar o ficheiro de modelo e clique em **«Aberto»**.

18.3.3 Exportar o modelo de protocolo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O DICOM Viewer permite exportar um modelo de protocolo para um ficheiro.

Para exportar um modelo de protocolo para um ficheiro, clique no botão **«Exportar para arquivo»** na barra de ferramentas do editor. Na caixa de diálogo do sistema aberta para guardar selecione o local onde pretende guardar o ficheiro do modelo de protocolo e introduza o nome do ficheiro. O nome do ficheiro predefinido é o nome do modelo de protocolo. Clique no botão **«Salvar»** para guardar o modelo de protocolo num ficheiro ou clique no botão **«Cancelar»** para cancelar.

18.3.4 Visualizar e editar o modelo de protocolo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

O conteúdo do modelo de protocolo só pode ser editado no editor de protocolos do DICOM Viewer. A utilização de programas externos para programas externos para editar o modelo pode resultar na incapacidade de ler o ficheiro.

Para editar um modelo de protocolo, selecione o menu principal **Arquivo**->**Modelo do relatório**->**Editar** e selecione o nome do modelo. O modelo de protocolo selecionado é aberto

na janela do editor de modelos. Edite o nome e o conteúdo do modelo. Guardar modelo de protocolo editado.

18.3.5 Guardar o modelo de protocolo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Se existirem alterações não guardadas no texto ou no nome do modelo, a barra de título da janela do editor de modelos apresenta o símbolo **«*»**.

Para guardar um modelo de protocolo, clique no botão **«SALVAR»** na barra de ferramentas do editor. A barra de ferramentas do editor. O nome de um modelo de protocolo é inválido se corresponder ao nome de outro modelo ou se contiver caracteres inválidos (ver Secção 18.1.1). Ao guardar um modelo, o programa substitui automaticamente os caracteres inválidos no nome do ficheiro por «_», os espaços no início e os pontos no fim do nome são eliminados. No caso de coincidência de nomes de modelos, é acrescentado ao nome um valor numérico entre parênteses.

Um modelo de protocolo é guardado num diretório separado *ReportTemplates* da memória local sob a forma de um ficheiro e é definido como o atual na janela do editor de modelos.

As próximas pressões no botão **«SALVAR»** irão guardar as alterações no modelo atual.

Para guardar o modelo com um novo nome, clique no botão **«Salvar como»** na barra de ferramentas do editor. Na caixa de diálogo que se abre, introduza o nome do novo modelo. Por predefinição, a caixa de diálogo apresenta o nome do modelo de protocolo atual ou modificado se o atual for inválido. Clique em **«OK»** para guardar ou **«CANCELAR»** para cancelar.

O novo modelo de protocolo é adicionado ao menu pendente do botão **«Relatório»** e o aos itens **Editar** e **Remover** da lista de modelos do menu principal **Arquivo**->**Modelo do relatório**.

18.3.6 Eliminar um modelo de protocolo

Funcionalidade disponível na versão **Pro**

Para remover um modelo, selecione o menu principal **Arquivo**->**Modelo do relatório**->**Remover** e selecione um modelo da lista. Na caixa de diálogo de confirmação, prima **«REMOVER»** para eliminar o modelo de protocolo, ou **«CANCELAR»** para cancelar.

Quando se elimina um modelo, o ficheiro correspondente é eliminado da pasta *ReportTemplates* da memória local. Ao mesmo tempo, o modelo de relatório é eliminado de todos os menus.

Chapter 19

Imprimindo imagens

O DICOM Viewer permite imprimir imagens em papel e em filme usando impressoras DICOM, salve-as no formato pdf.

As imagens devem ser adicionadas à lista de impressão, abertas na a lista na janela de visualização e enviadas para impressão.

19.1 Lista de impressão

Para imprimir imagens, primeiro elas devem ser adicionadas à lista de impressão. A adição é possível nas seguintes janelas:

- Visualizador de imagens;
- Reconstrução MPR;
- Reconstrução volumétrica;
- Análise de vasos;
- Análise das artérias coronárias;
- Análise PET;
- Fusão de séries.

As imagens podem ser adicionadas à lista de impressão com a capacidade de alterar a largura e o nível da janela na janela de visualização da impressão (neste caso, as legendas na tela não são capturadas) e sem a capacidade de alterar (neste caso, o toda a imagem é capturada).

Se o botão **«Adicionar à lista de impressão»** não estiver ativo, clique com o botão esquerdo do mouse na barra de título da janela que contém a imagem que deseja adicionar ou remover da lista de impressão.

A lista de impressão é salva até que o programa seja fechado.

19.1.1 Adicionando e excluindo imagens nas janelas de visualização de imagens planas -e mesclando séries

Para adicionar a imagem atual à lista de impressão, clique no lado esquerdo do **«Adicionar à lista de impressão»** . O botão muda . Ao rolar pelas imagens, o botão se parece com ,se não houver imagem atual na lista de impressão e se presente. Se várias janelas do visualizador de imagens estiverem abertas em uma aba, preste atenção em qual janela do visualizador está ativa (o título e a moldura da janela ativa são realçados a azul).

Para remover a imagem atual da lista de impressão, clique no botão **«Adicionar à lista de impressão»**, que deve se parecer com . A imagem será removida e o botão mudará para . Você também pode excluir a imagem na janela de visualização (Seção 19.2).

Existem dois modos de captura de imagens para impressão nas janelas de visualização de imagens planas e combinação de séries:

- **Captura de tela**: Captura toda a área de visualização, incluindo texto e o fundo. Não é possível alterar a largura e o nível da janela no modo de visualização de impressão.
- **Captura de imagem**: Somente a imagem do tecido é capturada. É possível alterar a largura e o nível da janela na janela de visualização da impressão.

Ao clicar no lado esquerdo do botão **«Adicionar à lista de impressão»** , a imagem é capturada no modo selecionado anteriormente. Para alternar o modo de captura, clique na seta no botão **«Adicionar à lista de impressão»** e selecione o modo desejado. O modo selecionado é marcado com um sinalizador e é salvo como o modo padrão para as abas de visualização de imagens planas e combinação de séries.

Ao capturar na janela de mesclagem de séries, alterar a largura e o nível da janela na janela de visualização da impressão só é possível para a primeira camada.

O filtro aplicado à imagem é tido em conta quando se adiciona a imagem à lista de impressão (ver Secção 2.6).

Uma imagem com um filtro aplicado não é a imagem original e os resultados da medição podem ser incorretos.

19.1.2 Adicionando imagens nas janelas de reconstrução multiplanar e reconstrução volumétrica

Para adicionar a imagem atual à lista de impressão, clique no lado esquerdo botões **«Adicionar à lista de impressão»** .

Nas janelas de reconstrução multiplanar e volumétrica, existem três modos de captura de imagens para impressão:

- **Captura de tela**: Captura toda a área de visualização, incluindo texto e o fundo. Não é possível alterar a largura e o nível da janela na janela de visualização da impressão.
- **Captura de imagem**: somente a imagem do tecido é capturada. Não há opção para alterar a largura e o nível da janela na janela de visualização da impressão.

- **Imagem inteira**: somente a imagem do tecido é capturada. É possível alterar a largura e o nível da janela na janela de visualização da impressão (exceto para imagens capturadas na janela de reconstrução volumétrica).

Clicar no lado esquerdo do botão **«Adicionar à lista de impressão»** captura a imagem no modo selecionado anteriormente. Para alternar o modo de captura, clique na seta no botão **«Adicionar à lista de impressão»** e selecione o modo desejado. O modo selecionado é marcado com um sinalizador e é salvo como o modo padrão para as abas de reconstrução multiplanares e volumétricas padrão.

Ao capturar no modo de **Imagem inteira**, apenas a primeira camada é capturada para a série mesclada na janela de reconstrução multiplanar.

A exclusão de imagens individuais capturadas nesses modos é possível nas janelas de visualização (Seção 19.2.3).

O filtro aplicado à imagem é tido em conta quando se adiciona a imagem à lista de impressão (ver Secção 2.6).

Uma imagem com um filtro aplicado não é a imagem original e os resultados da medição podem ser incorretos.

19.1.3 Adicionar uma série e limpar a lista de impressão

Para adicionar toda a série à lista de impressão, clique na seta no botão **«Adicionar à lista de impressão»** e selecione o item de menu **«Adicionar uma série inteira. Imagens serão adicionadas no modo padrão»**. Essa funcionalidade está disponível no visualizador de imagens planas e nas janelas de mesclagem de séries. Ao adicionar uma série inteira à lista de impressão, os filtros aplicados não são tidos em conta.

Para limpar a lista de impressão, clique na seta no botão **«Adicionar à lista de impressão»** e selecione o item de menu **«Limpar lista de impressão»**.

19.1.4 Adicionando imagens de diferentes análises

Se a lista de impressão não estiver vazia e você estiver tentando adicionar uma imagem de outra análise a ela, o DICOM Viewer emitirá um aviso **«Você está tentando adicionar imagem do estudo diferente.»**.

Para adicionar uma imagem, clique em **«SIM»** para limpar a lista de impressão e adicionar a imagem atual, clique em **«REESCREVER»**, e para cancelar a adição e deixar a lista de impressão atual inalterada, clique em **«NÃO»**.

19.2 Trabalhando com a lista de impressão nas janelas de visualização

19.2.1 Visualização prévia

As janelas de visualização são projetadas para controle de impressão e edição final da lista e aparência das imagens. A janela **«Visualização»** é usada para visualizar a impressão em papel e salvar em um arquivo pdf, a janela **«Visualização DICOM»** é usada para imprimir em filme.

Para abrir a janela desejada, selecione o menu **«Arquivo»** e selecione **«Visualização»** ou **«Visualização DICOM»**. As configurações feitas em uma janela não afetam as configurações na outra, exceto para excluir imagens. Como a lista de impressão é comum às duas janelas, as imagens apagadas em uma das janelas são removidas da lista de impressão e desaparecem na outra.

A aba **«Visualização»** é mostrada na Fig. 19.1.

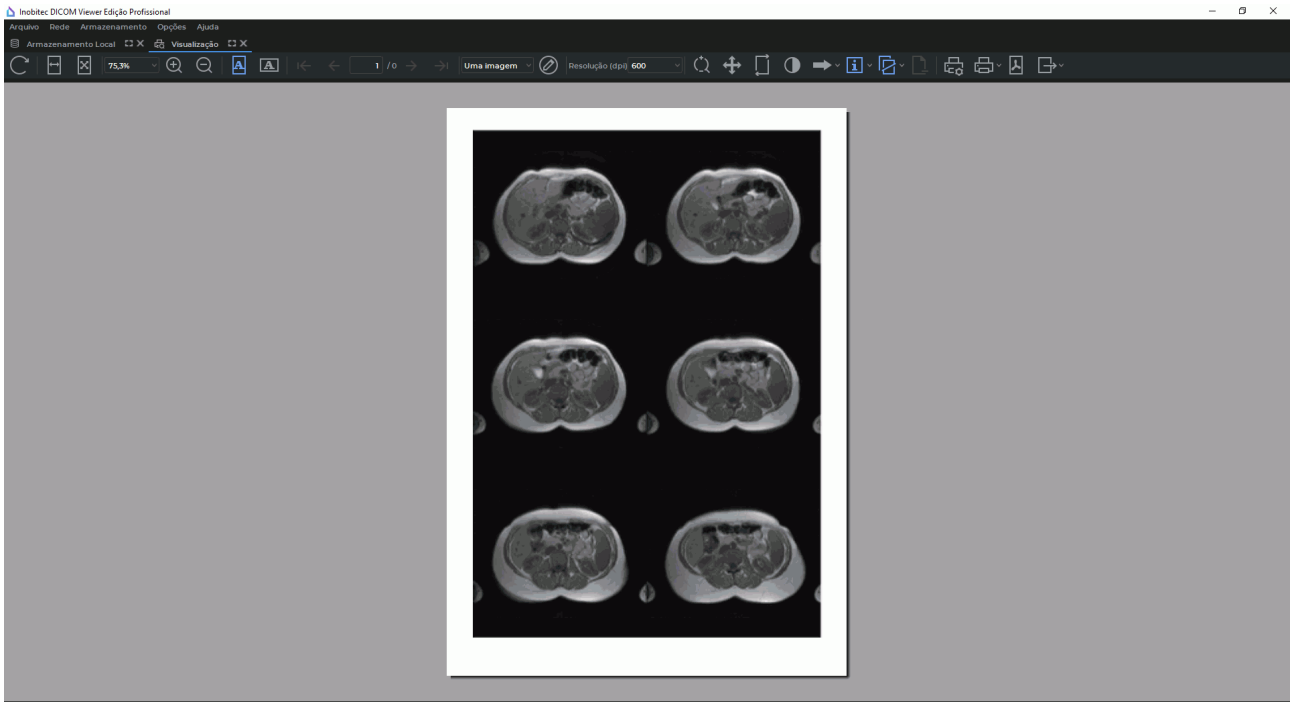


Figure 19.1: Aba de «Visualização»

A barra de ferramentas está localizada na parte superior (Fig. 19.2), a parte inferior mostra como as imagens impressas ficarão.

Figure 19.2: Barra de ferramentas

A barra de ferramentas contém os seguintes elementos:

	O botão **«Atualizar»** atualiza as imagens após alterar a lista de impressão
	O botão **«Ajustar à largura»** ajusta o tamanho da página para impressão para caber na largura da tela

	O botão **«Ajustar à página»** ajusta o tamanho da página para impressão ao tamanho da aba
74,3%	Campo **«Escala da página»**. A escala é inserida manualmente no teclado ou selecionada na lista suspensa. Para abrir a lista suspensa, clique na seta no lado direito do painel
	O botão **«Ampliar»** amplia a página. A escala atual é exibida no campo **«Escala da página»**
	O botão **«Reduzir»** reduz a página. A escala atual é exibida no campo **«Escala da página»**
	O botão **«Retrato»** define a orientação da página para retrato
	O botão **«Paisagem»** define a orientação paisagem da página
	O botão **«Primeira página»** navega para a primeira página se as imagens não couberem em uma página
	O botão **«Página anterior»** navega para a página anterior se as imagens não couberem em uma página
1 / 2	Campo de entrada do número da página. Mostra qual página está aberta e por meio de uma fração o número total de páginas. Para ir para a página desejada, digite seu número e pressione a tecla **Enter**
	O botão **«Próxima página»** navega para a próxima página se as imagens não couberem em uma página
	O botão **«Última página»** navega para a última página se as imagens não couberem em uma página
Página 3x2	Uma lista suspensa para selecionar um modelo de página. Permite selecionar um dos modelos predefinidos para posicionar as imagens na página (Seção 19.2.2)
	O botão **«Editar modelo de página»** abre a janela de edição do modelo (Seção 19.2.2)
600	Lista pendente de **«Resolução (dpi)»** (somente para a janela **«Visualização»**). A lista define a resolução (nitidez) da impressão
Impressora DICOM-printer	Lista pendente de **«Impressora»** (somente para a janela **«Visualização DICOM»**). A lista define a resolução (nitidez) da impressão
	A ferramenta **«Zoom»** permite dimensionar imagens individuais

	A ferramenta **«Deslocar»** permite mover imagens individuais dentro de uma célula em uma página
	A ferramenta **«Redefinir transformação»** permite desfazer todas as alterações feitas com as ferramentas **«Zoom»** e **«Deslocar»**
	A ferramenta **«Ajustar Janela/Nível»** permite alterar a largura e o nível da janela para imagens individuais
	A ferramenta **«Ícone da seta»** permite criar anotações gráficas do tipo ponteiro em imagens individuais. Mais na Seção 2.33
	A **«Ferramenta lápis»** permite-lhe criar anotações de forma arbitrária em imagens individuais. Mais na Seção 2.33
	A ferramenta **«Ferramenta texto»** permite criar anotações gráficas do tipo «Ferramenta texto» em imagens individuais. Mais na Seção 2.33
	A ferramenta **«Elipse»** permite criar anotações gráficas do tipo «Elipse» em imagens individuais. Mais na Seção 2.33
	A ferramenta **«Retângulo»** permite criar anotações gráficas do tipo «Retângulo» em imagens individuais. Mais na Seção 2.33
	A ferramenta **«Polígono»** permite criar anotações gráficas do tipo «Polígono» em imagens individuais. Mais na Seção 2.33
	A ferramenta **«Remover todas as anotações»** remove todas as anotações da imagem. Mais na Seção 2.19.13
	A ferramenta **«Mostrar os rótulos»** permite exibir informações da imagem. Mais na Seção 19.2.4
	A ferramenta **«Mostrar imagem de referência»** permite exibir uma imagem de referência. Leia mais em Seção 19.2.5
	O botão **«Remover imagens selecionadas»** permite remover as imagens selecionadas da lista de impressão (Seção 19.2.3)
	O botão **«Configuração de página»** (somente para a janela **«Visualização»**) abre a caixa de diálogo Preferências de impressão
	O botão **«Imprimir»** abre a caixa de diálogo de impressão
Limpar lista de impressão	Campo **«Limpar lista de impressão»** remove todas as imagens da lista de impressão. Localizado no menu do botão **«Imprimir»**
	A ferramenta **«Exportar para PDF»** (somente para a janela de **«Visualização»**) salva as imagens em um arquivo .pdf

19.2.2 Editando modelos de página

O modelo de página permite que você organize imagens arbitrariamente na página. Depois de instalar o programa, os seguintes modelos estão disponíveis:

- Uma imagem;
- Duas imagens;
- Página 2x2;
- Página 3x2.

Para abrir a janela de edição do modelo, clique no botão **«Editar modelo de página»** . Para a janela de visualização de impressão, a caixa de diálogo de configurações é mostrada na Fig. 19.3. Para a janela do **«Visualização DICOM»**, em vez do parâmetro **«Espaçamento»**, a caixa de diálogo contém uma lista pendente para selecionar o tamanho do filme.

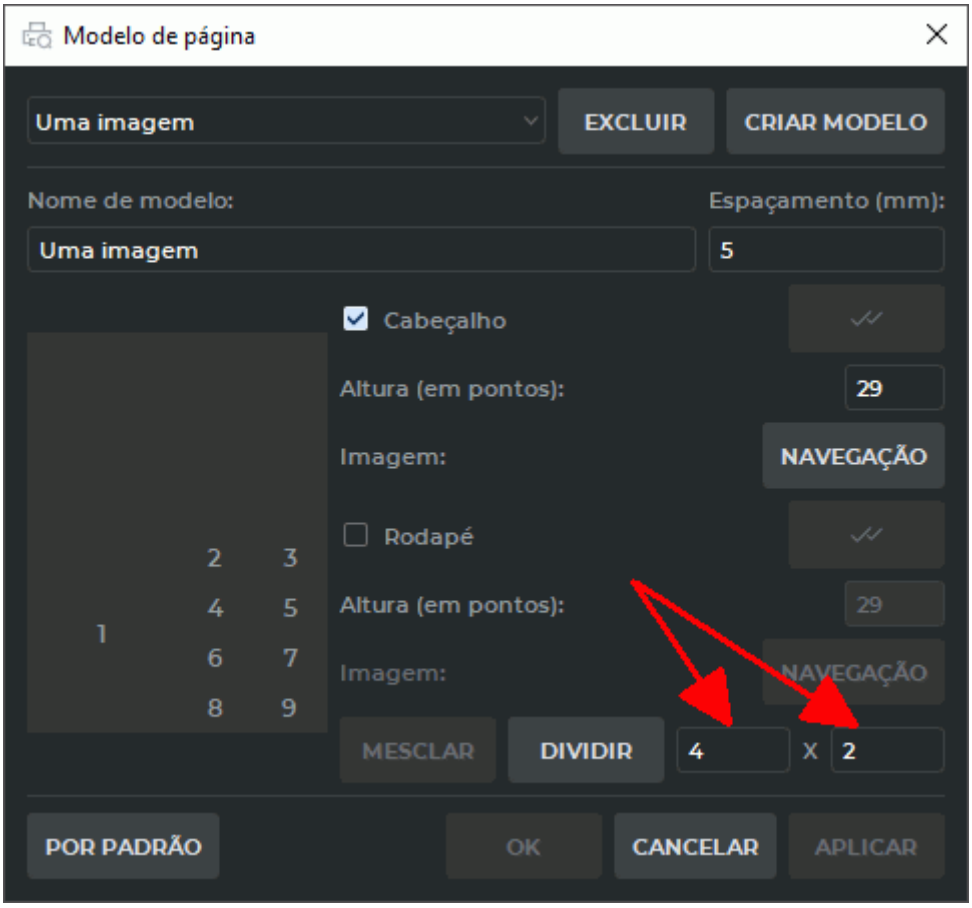


Figure 19.3: Janela Editar modelo de página

Selecione o modelo desejado na lista pendente. Para adicionar um novo modelo, clique no botão **«CRIAR MODELO»**; para excluir o modelo atual, clique no botão **«REMOVER»**.

Atenção! A operação de exclusão do modelo é irreversível.

Para alterar o nome do modelo, insira um novo nome no campo **«Nome de modelo»**.

Na aba **«Visualização»**, defina o espaçamento entre as imagens no **«Espaçamento (mm)»**.

Para a aba **«Visualização DICOM»**, selecione um tamanho de filme na lista pendente **«Tamanho de filme»**. A configuração padrão é o **«Tamanho de filme selecionado para impressora»**, caso em que o tamanho do filme definido para a impressora é usado. A configuração de uma impressora DICOM é descrita na Seção 19.3.2. Se outro valor for selecionado para o modelo de impressão, o tamanho definido nas configurações da -impressora será ignorado.

O lado esquerdo da janela exibe o layout das imagens na página. Para dividir qualquer célula em um número arbitrário de linhas e colunas, selecione esta célula no diagrama clicando com o botão esquerdo do mouse, insira o número de linhas e colunas nos campos esquerdo e direito, indicados pelas setas na Fig. 19.3, e clique no botão **«DIVIDIR»**.

Se o número de colunas e/ou colunas no diagrama for maior que 1, um número arbitrário de células pode ser mesclado para que as células mescladas formem um retângulo. Por exemplo, defina o número de linhas como 3 e o número de colunas como 4. Em seguida, selecione as células 7, 8,11,12. Para fazer isso, mova o cursor do mouse da célula 7 para a célula 12 enquanto mantém pressionado o botão esquerdo. Clique no botão **«MESCLAR»**. As quatro células selecionadas serão mescladas em uma.

As células formadas como resultado da divisão só podem ser mescladas umas com as outras.

Para adicionar um cabeçalho e/ou rodapé, faça o seguinte:

1. Marque a opção **«Cabeçalho»** para definir o cabeçalho e **«Rodapé»** na parte inferior. O cabeçalho e o rodapé são exibidos no layout da célula.

2. Especifique a altura do cabeçalho em pontos. Prima o botão**«NAVEGAÇÃO»** e seleccione o ficheiro com a extensão **jpg**, **jpeg**, **jpe** ou **png** na caixa de diálogo que se abre.

3. Para definir este cabeçalho para todos os modelos para os quais os cabeçalhos não estão definidos (incluindo o padrão para os recém-criados), clique no botão **«Definir este cabeçalho como padrão»** ou **«Definir este rodapé como padrão»** e na caixa de diálogo de confirmação, clique em **«SIM»** para aplicar ou **«NÃO»** para cancelar a ação.

Para salvar as alterações, clique no botão **«OK»** ou **«APLICAR»**, e para cancelar, **«CANCELAR»**.

19.2.3 Células

Se o modelo de página contiver várias células, para aplicar as ferramentas **«Zoom»**, **«Deslocar»**, **«Ajustar Janela/Nível»** a várias imagens em uma página de uma vez ou excluir várias imagens, você precisará selecionar várias células. Para selecionar, clique com o botão esquerdo na imagem. Para remover a seleção, clique na imagem novamente. Para selecionar várias células, faça o seguinte:

- Para selecionar várias células localizadas uma após a outra, clique no primeiro e no último botão esquerdo do mouse enquanto mantém pressionada a tecla **Shift** no teclado.
- Para selecionar várias células colocadas aleatoriamente, clique em cada uma delas com o botão esquerdo do mouse enquanto mantém pressionada a tecla **Ctrl** (ou a tecla **Command** para o macOS) no teclado.
- Para desmarcar todas as células, clique com o botão esquerdo em qualquer célula selecionada.

Atenção! Se alguma das ferramentas para construir anotações gráficas, «Zoom», «Deslocar», «Ajustar Janela/Nível» estiver ativa, a seleção e desmarcação são impossíveis.

Para excluir imagens nas células selecionadas, clique no botão **«Remover imagens selecionadas»** .

Para trocar imagens em células, posicione o cursor sobre a imagem e, mantendo pressionado o botão esquerdo do mouse, arraste a imagem até a célula desejada. As imagens serão trocadas.

19.2.4 Impressão de anotação

Se a imagem for capturada para impressão sem marcas e anotações, elas podem ser adicionadas na aba de visualização. Para isso, clique no botão **«Mostrar os rótulos»**. No menu de botões, os sinalizadores marcam os rótulos exibidos amontoados. Para mostrar ou ocultar o rótulo, clique na seta no botão **«Mostrar os rótulos»** e selecione o item desejado no menu.

Para definir o tamanho da fonte, selecione o botão **«Definir tamanho de texto de anotações...»**.

Para selecionar as tags que devem ser exibidas no canto inferior esquerdo, selecione o comando **«Definir tags visíveis...»** no menu do botão, e na caixa de diálogo que se abre, marque as caixas das tags necessárias.

Se uma ou mais células forem selecionadas, as configurações serão aplicadas somente a essas células.

19.2.5 Imagem de referência

O DICOM Viewer permite adicionar imagens de referência às imagens na lista de impressão. A imagem de referência pode ser definida uma para todas as imagens da lista ou diferentes individualmente para cada imagem da lista. Para definir várias imagens de referência para cada análise adicionado à lista de impressão, uma lista separada de imagens de referência pode ser gerada.

Para adicionar uma imagem de referência, faça o seguinte:

1. Selecione uma imagem da mesma análise que foi adicionada à lista de impressão. Clique na seta no botão **«Adicionar à lista de impressão»** e selecione o comando **«Adicionar como imagem de referência»**. Esta imagem será definida como padrão para todas as imagens desta análise na lista de impressão.

2. Se quiser adicionar uma imagem de referência à lista ou substituí-la, repita o passo anterior. Aparece um aviso de que a imagem de referência já foi adicionada. Para adicionar uma imagem de referência adicional à lista, clique em **«SIM»**, para substituir a imagem adicionada anteriormente, clique em **«REESCREVER»**, e para cancelar a ação, **«NÃO»**.

3. Abra o **«Visualização DICOM»** ou o formulário de visualização. Se a ferramenta **«Mostrar imagem de referência»** inativa, ative-a com o botão esquerdo do mouse. Uma imagem de referência em miniatura é exibida no canto de cada imagem desta análise. Se houver mais de uma imagem na lista de imagens de referência, será utilizada a primeira imagem adicionada à lista.

4. Para definir a exibição da imagem de referência, clique na seta no botão **«Mostrar imagem de referência»** e selecione o comando **«Configurações de imagem de referência...»**. O comando também está disponível no menu de contexto. As seguintes configurações são definidas:

   - Alinhamento da imagem;
   - Tamanho relativo;
   - Largura de linha de projeção (mm).

   Se houver imagens selecionadas, as alterações serão aplicadas apenas a elas.

5. Para substituir a imagem de referência por uma imagem individual, selecione-a, clique na seta no botão **«Mostrar imagem de referência»** e selecione o comando **«Escolher imagem de referência»**. Na caixa de diálogo que se abre, selecione a imagem desejada e clique em **«ESCOLHER»**. Se nenhuma imagem for selecionada, a imagem de referência será alterada para todas as imagens na lista de impressão. No entanto, se a lista de impressão contiver imagens de análises diferentes, a substituição da imagem de referência só será possível para as imagens selecionadas. O comando **«Escolher imagem de referência»** também está disponível no menu de contexto.

6. Para remover uma imagem de referência da lista, clique na seta no botão **«Mostrar imagem de referência»** e escolha o comando **«Escolher imagem de referência»**. Na caixa de diálogo que se abre, selecione a imagem desejada e clique em **«REMOVER»**.

7. Para ocultar/mostrar a imagem de referência, clique no lado esquerdo do botão **«Mostrar imagem de referência»** . Se houver imagens selecionadas, a ação é feita somente para elas.

Se imagens de análises diferentes forem adicionadas à lista de impressão, as imagens de referência serão definidas para eles separadamente.

19.3 Imprimindo imagens em filme

19.3.1 Configurando impressoras DICOM

Para configurar as opções de impressão DICOM, selecione o menu **«Rede»** e **«Configurações de impressora DICOM...»**. A janela é mostrada na Fig. 19.4.

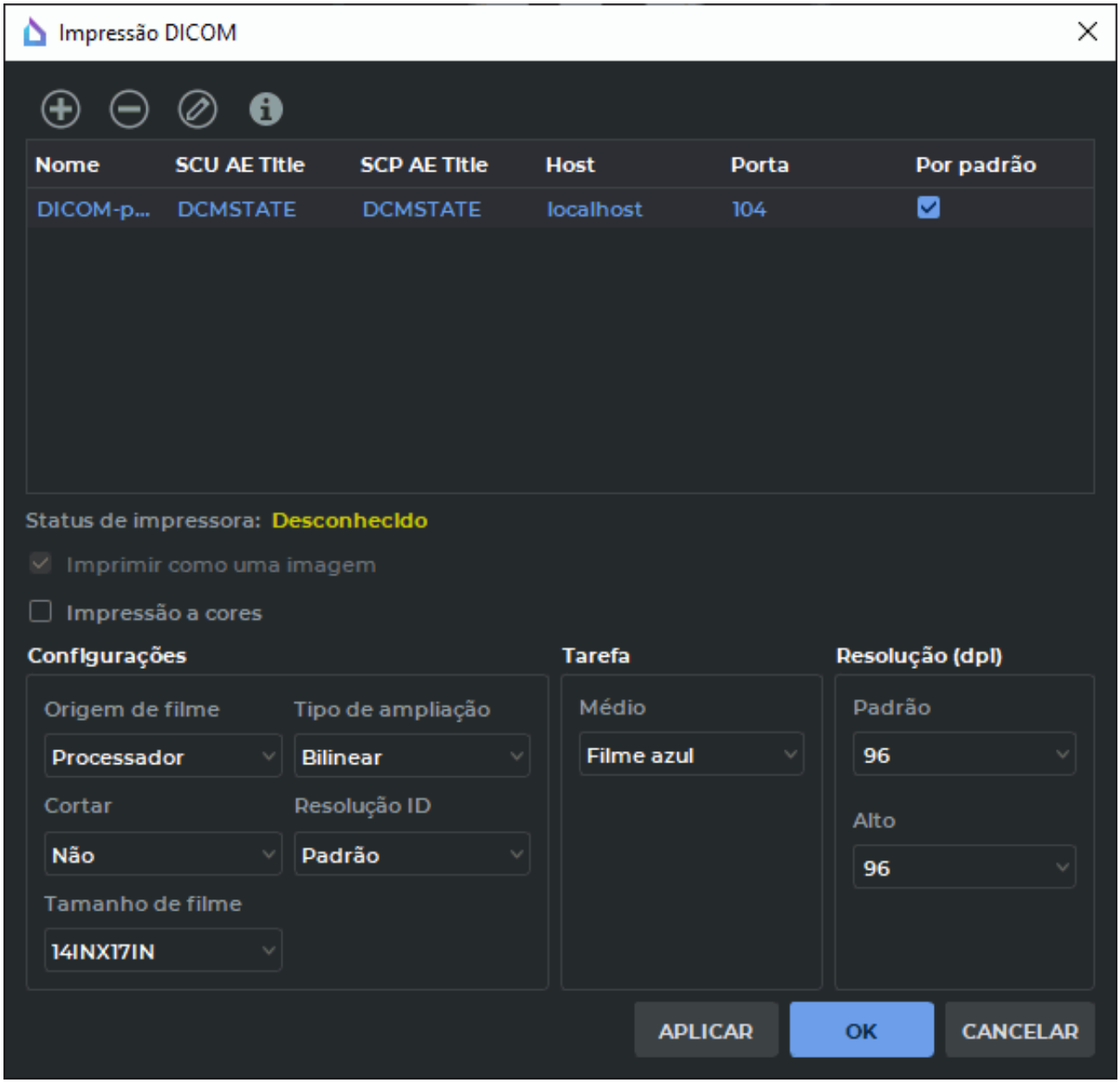


Figure 19.4: Janela de impressão e configurações para impressoras DICOM

Para adicionar uma impressora DICOM à lista, faça o seguinte:

1. Clique no botão **«Adicionar impressora»** ⊕ na barra de ferramentas. A caixa de diálogo de configuração da impressora será aberta. (Fig. 19.5).

2. No campo **«Nome»**, digite um nome arbitrário para a impressora.
3. No campo **«SCU AE Title»**, insira o nome do cliente (neste caso, DICOM Viewer) que tem permissão para acessar a impressora (esse parâmetro é definido nas configurações da -impressora).
4. No campo **«SCP AE Title»**, insira o nome da impressora (este parâmetro é definido nas configurações da impressora).
5. No campo **«Host»**, insira o endereço de rede da impressora.
6. No campo **«Porta»**, digite a porta da impressora.
7. Marque a opção **«Por padrão»** se esta impressora deve ser usada como padrão.
8. Clique em **«OK»** para aplicar as alterações ou em **«CANCELAR»** para cancelá-las. Para guardar as configurações sem fechar a janela, pressionar o botão **«APLICAR»**.

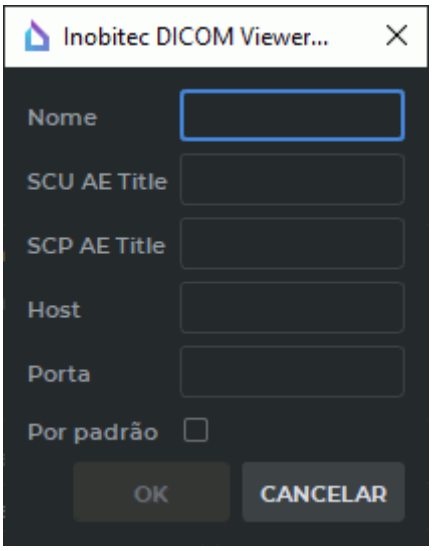


Figure 19.5: Caixa de Diálogo de Configuração da Impressora DICOM

Todas as impressoras adicionadas aparecem na lista de impressoras. A impressora padrão pode ser atribuída diretamente na lista marcando a opção ao lado da impressora desejada.

Para remover uma impressora da lista, selecione-a e clique no botão **«Remover impressora»** . Na caixa de diálogo de confirmação que se abre, clique em **«SIM»** para remover a impressora ou em **«NÃO»** para cancelar a remoção.

Para editar as configurações da impressora, selecione-a e clique no botão **«Editar impressora»** .

Para verificar se uma impressora está disponível, realce-a e clique no botão **«Informações de impressora»>** . Se a impressora estiver disponível, a lista de impressoras exibirá o status da impressora **«Online»**, se não estiver disponível, então **«Offline»**. Se a verificação não foi realizada, o status é **«Desconhecido»**.

19.3.2 Configurando opções de impressão DICOM

Para configurar as opções de impressão DICOM, selecione o menu **«Rede»** e selecione impressora **«Configurações de impressora DICOM...»**. A janela mostrada na Fig. 19.4. Defina as opções necessárias no painel Preferências de impressão.

As definições devem estar estritamente de acordo com a especificação da impressora DICOM que está a utilizar.

1. Defina a fonte do filme (**«Revista»** ou **«Processador»**).
2. Configure o corte do filme.
3. Defina o tipo de ampliação. Se desejar imprimir imagens em sua resolução original, selecione **«NÃO»**. Se quiser ajustar as imagens ao tamanho do filme, selecione um dos tipos de ampliação (**«Bilinear»**, **«Cúbico»** ou **«Replicável»>**). Nesse caso, a impressora alterará a resolução da imagem de acordo com o algoritmo de dimensionamento selecionado para que ela tenha o tamanho máximo na folha, mantendo a proporção.
4. Selecione a resolução na qual deseja imprimir as imagens (**«Padrão»** ou **«Alto»**). Definir a qualidade de impressão em DPI (pontos por polegada) tanto para **«Padrão»** e **«Alto»**.
5. Selecione um tamanho de filme na lista pendente **«Tamanho de filme»**.
6. Seleccionar um tipo de suporte a partir da lista pendente **«Médio»**.
7. A partir da versão 1.11 , a opção **«Imprimir como uma imagem»** não é desativada.
8. Ative a impressão de anotações, se necessário.
9. Para a impressão colorida, marque a opção **«Impressão a cores»**.

Na janela de configurações do modelo de página, o tamanho do filme também é configurado. Se o modelo for definido como **«Tamanho de filme selecionado para impressora»**, o tamanho definido para a impressora será usado; caso contrário, o tamanho definido para o modelo de página (Seção 19.2.2).

19.3.3 Definindo as configurações padrão de impressão DICOM

As impressoras DICOM de diferentes fabricantes podem não oferecer suporte a todas as opções de impressão descritas no padrão DICOM. Se um parâmetro for passado para a impressora que não é suportado pela impressora, a impressão pode falhar. Para evitar tais situações, o DICOM Viewer oferece a capacidade de não definir certos parâmetros e não transferir para a impressora DICOM.

Para definir as configurações padrão de impressão DICOM, selecione **«Configurações de impressora DICOM...»** no menu **«Rede»**.

Na caixa de diálogo **«Impressão DICOM»** (Fig. 19.6) **«Por padrão»** pode ser selecionado para as seguintes opções:

- **«Origem de filme»**;
- **«Cortar»**;

- **«Tipo de ampliação»**;

- **«Médio»**.

O valor **«Por padrão»** significa que não há um valor definido para o parâmetro selecionado e esse valor é determinado pela impressora DICOM.

Os parâmetros **«Tamanho de filme»** e **«Resolução(dpi)»** devem ser configurados para valores das listas suspensas.

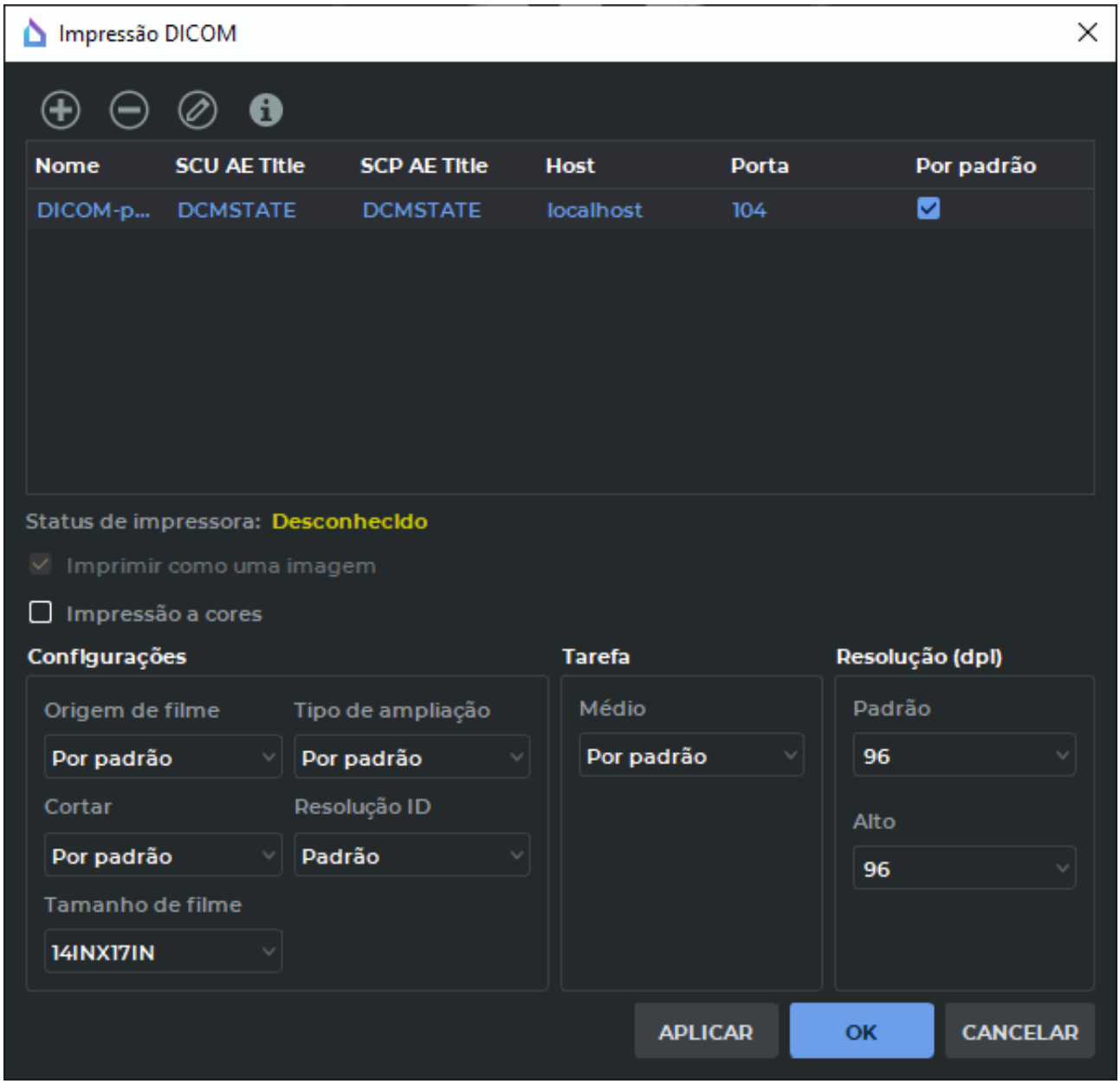


Figure 19.6: Configurações padrão da impressora DICOM

19.3.4 Impressão

A impressão de imagens em uma impressora DICOM é executada na janela do Visualizador DICOM (Seção 19.2). Para abri-la, selecione o menu **«Arquivo»** e selecione **«Visualização DICOM»**. Para imprimir, clique no botão **«Impressão DICOM»** na barra de ferramentas. A janela mostrada na Fig. 19.7.

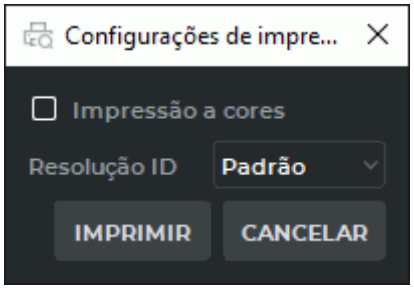


Figure 19.7: Impressão DICOM

As configurações na janela correspondem às configurações padrão na configuração de impressão. Altere essas configurações, se necessário, e clique no botão **«Imprimir»** para imprimir ou no botão **«CANCELAR»** para cancelar.

Se a impressora não estiver disponível, uma mensagem semelhante a **«Impressora «Nome da impressora» não está disponível»** será exibida.

19.4 Imprimindo imagens da lista de impressão no papel

Para imprimir, você deve ter uma impressora conectada ao seu computador e configurada para imprimir em papel. O DICOM Viewer não tem a funcionalidade para configurar tal impressora.

A impressão em papel é feita na janela de visualização (Seção 19.2). Para abri-lo, selecione o menu **«Arquivo»** e selecione **«Visualização»**.

A janela de visualização é semelhante à janela de visualização DICOM, exceto pela presença do botão **«Configuração de página»** na barra de ferramentas, que abre as configurações de impressão do sistema. A impressão é realizada por meio do sistema operacional. Se necessário, consulte o manual de instruções da impressora e a Ajuda do sistema operacional.

A janela de visualização é semelhante à janela de visualização DICOM, exceto pela presença do botão **«Mostrar os rótulos»** na barra de ferramentas. Para configurar as opções de anotação apresentadas, clicar na seta do lado direito do botão **«Mostrar os rótulos»** (Seção 2.27).

19.5 Exportar páginas de impressão

O DICOM Viewer permite exportar páginas para impressão no servidor DICOM padrão e para repositório local. A configuração do servidor DICOM por padrão é descrita na Seção 13.2. A

imagem é exportada de acordo com as configurações de impressão atuais.

Atenção! Uma caixa de seleção de células vermelhas é exibida nas imagens exportadas.

A exportação para repositório local ocorre independentemente do sucesso da operação de upload da imagem para o servidor DICOM. Quando você exporta o mesmo conjunto de páginas para repositório local, uma nova série é criada para elas a cada vez.

Para exportar a página atual, clique no lado esquerdo do botão **«Exportar página para servidor padrão»**. Para exportar todas as páginas de imagem para impressão, clique na seta no botão **«Exportar página para servidor padrão»** e selecione **«Exportar todas as páginas»**.

Chapter 20

Integração

20.1 Lançamento do programa a partir da linha de comando

Atenção! Nos sistemas operacionais da família macOS, os parâmetros da linha de comando são ignorados.

Se o DICOM Viewer já estiver a ser executado no computador, os parâmetros de início da linha de comando são passados para o programa em execução. A segunda instância do programa não é iniciada (ver Secção **«Lançamento de vários exemplares do programa»**).

O lançamento do programa a partir da linha de comando permite definir parâmetros especiais da sessão atual de trabalho do programa, alterar as configurações e obter informações de ajuda sobre os parâmetros da linha de comando. Sintaxe do comando de lançamento:

[<caminho_do_ programa>]<o_nome_do_ ficheiro_executável_do_ programa> [--help] | [--study-folder <path> [--open-series-images | --open-series-mpr | --open-series-volume | --open-series-
endoscopy [--series-uid <uid> | --series-index <index>]]] | [--pacs-aetitle <aetitle> [--patient-id <patientID>] [--study-uid <studyUID>] [--series-index <seriesIndex> | --series-uid <seriesUID>] [--open-series-images]] | [--aet <aet>] | [--import-settings <path> [--use-imported-listener-aetitle | --aet <aet>] [--update-scu-aetitle]] | [--export-settings <path>]

--help: são exibidas informações de ajuda sobre os parâmetros da linha de comando, e o programa conclui o trabalho.

--study-folder <path>: a análise(s) contida na pasta indicada é exibida no painel de análises. Aplicam-se os seguintes parâmetros de arranque:

--patient-id <patientID>: na lista de análises são buscadas as análises com o patientID correspondente. O parâmetro possui uma prioridade maior que --study-uid

--open-series-images: a primeira série da análise é aberta na janela de visualização de imagens planas

--open-series-mpr: a primeira série da análise é aberta na janela de reconstrução multiplanar

--open-series-volume: a primeira série da análise se abre na janela de reconstrução volumétrica

--open-series-endoscopy[PRO]**:** a primeira série da análise é aberta na janela de endoscopia virtual

Com qualquer um desses parâmetros podem ser utilizados os parâmetros

--study-uid "<studyUID 1> \...\<studyUID N>": é aberta a primeira série de cada estudo selecionado de cada estudo selecionado na lista com o studyUID correspondente

--series-uid "<seriesUID 1> \...\<seriesUID N>": abre a série da lista com o seriesUID correspondente

--series-index "<seriesIndex 1> \...\<seriesIndex N>": abre a série da lista com o seriesIndex correspondente. A numeração do parâmetro seriesIndex começa em zero e depende do tipo de ordenação atual das séries na lista.

--pacs-aetitle <aetitle>: é feita uma tentativa de abrir a lista de análises com o servidor PACS cujo AE Title corresponde ao AE Title.

Os parâmetros especificados nas definições de ligação para este servidor são utilizados para a ligação a este servidor (ver Secção 13.2).

Com esse parâmetro os seguintes parâmetros podem ser utilizados em diferentes composições:

--patient-id <patientID>: na lista de análises são buscadas as análises com o patientID correspondente. O parâmetro possui uma prioridade maior que --study-uid

--study-uid "<studyUID 1> \...\<studyUID N>": a lista de estudos é pesquisada para estudos com studyUIDs correspondentes

--series-uid "<seriesUID 1> \...\<seriesUID N>": para os estudos selecionados, são selecionadas as séries com o seriesUID correspondente

--series-index "<seriesIndex 1> \...\<seriesIndex N>": para os estudos selecionados, são selecionadas as séries com o correspondente seriesIndex. A numeração do parâmetro seriesIndex começa em zero e depende do tipo atual de ordenação de séries no estudo

--open-series-images: a série selecionada se abre na janela de visualização de imagens planas. Se a série não for selecionada, é aberta a primeira série da primeira análise

A lista dos valores dos parâmetros é transmitida como uma única linha com um separador sob a forma do símbolo **«\»**. A lista de valores dos parâmetros **study-uid** e **series-uid** compilada da seguinte forma o primeiro valor do parâmetro da lista **study-uid** deve corresponder ao primeiro valor do parâmetro da lista **series-uid**, para o primeiro valor do parâmetro da lista **study-uid** para o segundo valor do parâmetro da lista **series-uid**, etc. Se uma das listas tiver menos valores de parâmetros valores de parâmetros do que a outra, esta é complementada com valores vazios. Os valores vazios podem ser passados no início e no meio da lista.

Atenção! A lista de valores dos parâmetros não pode terminar com o símbolo «\».

As listas de parâmetros passadas para **study-uid** e para o **series-index**. Os valores da lista **series-uid** têm uma prioridade mais elevada em relação aos valores da lista de **series-index**. Se um valor não vazio do parâmetro **series-uid** então o valor correspondente do parâmetro

series-index é ignorado. Segue-se um exemplo de passagem das listas de parâmetros **study-uid**, **series-uid** e **series-index** para o comando da consola:

C:\Users\user\DICOMViewerPro2.16.0\viewer.exe --study-folder D:\dicom_data --study-uid "\<studyUID 2> \<studyUID 3> \<studyUID 4>"--series-uid "<seriesUID 1> \\<seriesUID 3>"--series-index "<seriesIndex 1> \<seriesIndex 2>"

Nos sistemas operativos Linux, é necessário escapar aos caracteres «\» (especifique «\\» em vez de «\»).

Neste caso, o exemplo acima terá o seguinte aspeto:

C:\Users\user\DICOMViewerPro2.16.0\viewer.exe --study-folder D:\dicom_data --study-uid "\\<studyUID 2>\\<studyUID 3>\\<studyUID 4>"--series-uid "<seriesUID 1>\\\\<seriesUID 3>"--series-index "<seriesIndex 1>\\<seriesIndex 2>"

Neste exemplo, são transmitidos 4 pares de valores dos parâmetros que identificam as séries **series-uid** e/ou **series-index**, que correspondem aos valores dos parâmetros **study-uid**. Vejamos cada par de valores do exemplo abaixo.

study_uid = "", series_uid = <seriesUID 1>
study_uid = <studyUID 2>, series_index = <seriesIndex 2>
study_uid = <studyUID 3>, series_uid = <seriesUID 3>
study_uid = <studyUID 4>, series_index = 0

No caso de passar valores vazios de **series-uid** e/ou **series-index** (o quarto par de valores do exemplo), é selecionada a primeira série do estudo (series_index = 0). Ao selecionar uma série do estudo especificado pelo valor do parâmetro **series-index**, é tido em conta o tipo atual de ordenação das séries.

A passagem de um valor **study-uid** vazio é tratada da seguinte forma:

- para comandos de abertura de séries a partir de um catálogo:
  - é ignorado se o valor não vazio correspondente do parâmetro **series-uid**. A pesquisa na lista de estudos encontrados no catálogo é efetuada por **series-uid**;
  - é utilizado o **study-uid** do primeiro estudo encontrado na lista, se o correspondente **series-uid** de série;
- para comandos para abrir séries a partir do servidor PACS:
  - definir sempre o **study-uid** do primeiro estudo encontrado na lista.

Atenção! Se vários servidores possuírem o mesmo AE Title, então a busca dos dados é feita no primeiro servidor encontrado. A ordenação dos servidores PACS é feita pelo campo «Nome do servidor».

A configuração da conexão aos servidores PACS é descrita na Seção 13.2.

O comprimento do valor AE Title não deve exceder 16 símbolos. Símbolos cirílicos e o símbolo «\» nos valores do AE Title não são permitidos.

Os seguintes comandos servem para alterar as configurações. Após a realização desse qualquer um desses comandos termina o trabalho no caso de realização com sucesso na linha de comando aparace a palavra «Done» (realizado).

--aet <aetitle>: AE Title o serviço DICOM é substituído por <aetitle>

--import-settings <file>: são importadas as configurações do arquivo <file>

--use-imported-listener-aetitle: AE Title do serviço DICOM é substituído por um único no arquivo de configurações

se ao mesmo tempo se usa o parâmetro **--aet <aetitle>**, AE Title do serviço é substituído por <aetitle>

--update-scu-aetitle: Nome do cliente (SCU) para os servidores PACS do serviço DICOM continuará a ser o actual

se ao mesmo tempo é usado o parâmetro **--aet <aetitle>**, então O nome do cliente (SCU) para os servidores PACS é substituído por <aetitle>

--export-settings <file>: s configurações são salvas no arquivo <file>.

20.2 Iniciar o DICOM Viewer por comando URL

O DICOM Viewer pode ser iniciado clicando numa ligação numa página do browser da Internet.

Se o DICOM Viewer já estiver a ser executado no computador, os parâmetros do URL são passados para o programa em execução. A segunda instância do programa não é lançada (consulte **«Lançamento de vários exemplares do programa»**).

20.2.1 Ativar o lançamento do DICOM Viewer por comando URL no SO Windows

Para ativar o início do DICOM Viewer Viewer por comando URL no Windows, é necessário, O DICOM Viewer deve estar registado no sistema URI como *«inobitec»*.

O DICOM Viewer é registado no sistema URI automaticamente na fase de instalação do programa. O registo é efectuado automaticamente na fase de instalação do programa. Para ativar o suporte para o lançamento do DICOM Viewer por comando URL, defina o sinalizador **«Registre o esquema «inobitec» para iniciar um visualizador com parâmetros do navegador»** na janela **«Parâmetros estendidos»** (Fig. 7) . Por predefinição, a bandeira não está selecionada. Se a opção estiver ativada, são necessários direitos administrativos durante o processo de instalação. Ao desinstalar o DICOM Viewer, o seu registo no sistema URI é guardado.

20.2.2 Ativação do arranque do DICOM Viewer por comando URL no SO Linux

Para ativar o arranque do DICOM Viewer a partir de um browser em Linux, é necessário integrar o ficheiro AppImage deve ser integrado no sistema. Para que o SO emita um pedido de integração, pode ser necessário um programa auxiliar, por exemplo, *AppImageLauncher*.

Quando a aplicação é integrada, o esquema é registado para o utilizador atual (o ficheiro do ambiente de trabalho da AppImage é instalado no diretório *~/.local/share/applications*).

Navegador de Internet Firefox, instalado com a ajuda dos programas utilitários de implementação de software Snap ou Flatpak, não executa esquemas URI de terceiros devido à política de segurança.

20.2.3 Ativar o lançamento do DICOM Viewer por comando URL no macOS

O suporte para iniciar o DICOM Viewer a partir de um browser no macOS é ativado automaticamente quando se abre o ficheiro dmg da aplicação.

Para repor o esquema instalado, utilize o comando:
/System/Library/Frameworks/CoreServices.framework/Frameworks/LaunchServices.framework/Support/lsregister -u <Caminho para o ficheiro da aplicação instalada>

20.2.4 Iniciar o DICOM Viewer utilizando o comando URL

Para verificar se o DICOM Viewer está a ser executado, introduza o comando na barra de endereços do browser: *inobitec://*

Depois de confirmar o pedido, abre-se a janela do DICOM Viewer.

Estão disponíveis os seguintes parâmetros para passar para os pedidos de URL (especificados no formato **key**=<**value**> ou **chave**):

study-folder=<**path**> — - o caminho para o catálogo com ficheiros de estudo. Se existirem vários estudos. Se existirem vários estudos, os seguintes parâmetros de início são aplicados ao primeiro da lista study:

open-series-images — a primeira série de estudo é aberta no separador de visualização de imagens planas

open-series-mpr — - a primeira série do estudo abre-se no separador reconstrução multiplanar

open-series-volume — a primeira série do estudo abre-se no separador reconstrução volumétrica

open-series-endoscopy — a primeira série do estudo abre-se no separador de endoscopia virtual

study-uid=<**study_uid 1**>\...\<**study_uid N**> — lista de identificadores únicos (UID) dos estudos que contêm séries a abrir no separador de visualização de imagens

series-uid=<**series_uid 1**>\...\<**series_uid N**> — lista de UIDs de séries para abrir

series-index=<**series_index 1**>\...\<**series_index N**> — lista de índices de séries a abrir. A numeração do parâmetro series-index começa em zero e depende do tipo atual de ordenação atual das séries no estudo

patient-id=<**patient_id**> — identificador do doente, cuja lista de estudo será aberta será aberta

pacs-aetitle=<**pacs_aetitle**> — define o AE Title do servidor PACS a partir do qual o estudo está a ser aberto. A ligação utiliza os parâmetros especificados nas definições de ligação para este servidor (ver Secção 13.2). Apenas o comando pode ser utilizado com este parâmetro:

open-series-images — a primeira série do estudo abre-se no separador de visualização de imagens planas

A lista de UIDs de estudo (study-uid), UIDs de série (series-uid) e índices de série (series-index) a serem descarregados, é executada de forma semelhante à passagem de listas de parâmetros na linha de comandos (ver Secção 20.1).

O seguinte formato de comando URL é utilizado para lançar o DICOM Viewer:
inobitec://?param_1=”value_1”&...&param_m=&...&param_n=”value_n”

O parâmetro **param_m** no formato especificado é passado sem valor. As vírgulas invertidas devem ser substituídas pelos símbolos de código correspondentes. Recomenda-se também a substituição de quaisquer símbolos por Recomenda-se a substituição de quaisquer símbolos que não sejam letras e dígitos nos nomes e valores dos parâmetros por símbolos de código.

Seguem-se exemplos de comandos de consola e de comandos URL correspondentes.

Exemplo 1. Comando de consola
viewer.exe --study-folder “D:/DicomData/001” --series-index “0” --open-series-mpr
corresponde ao comando URL
inobitec://?study%2Dfolder=%22D%3A%2FDicomData%2F001%22&series%2Dindex=%220%22&open%2Dseries%2Dmpr=

O comando abre na janela de reconstrução multiplanar a série com o índice 0 do primeiro do primeiro estudo contido na pasta *D:/DicomData/001*.

Exemplo 2. Comando de consola
viewer.exe --pacs-aetitle “PACS_Inobitec” --patient-id “9Htqj5c” --open-series-images
corresponde ao comando URL
inobitec://?pacs%2Daetitle=%22PACS%5FInobitec%22&patient%2Did=%229Htqj5c%22&series%2Dindex=10&open%2Dseries%2Dimages=

O comando abre no visualizador de imagens planas a primeira série do primeiro estudo com o ID de paciente *9Htqj5c* localizado no servidor PACS com o AE Title *PACS_Inobitec*.

Se houver um erro no pedido de URL, a janela do DICOM Viewer abre-se e é escrita uma mensagem de erro no ficheiro de registo. Um erro num dos parâmetros do pedido não anula o processamento dos outros parâmetros.

20.3 Serviço HTTP RPC de chamada de procedimentos remota

O Inobitec DICOM Viewer possui um serviço HTTP RPC através do qual você pode executar comandos. Dois comandos são atualmente suportados:

- **DownloadAndOpenStudy**;
- **DisplayStudy**.

20.3.1 Comando «DownloadAndOpenStudy»

- **DownloadAndOpenStudy** — comando para baixar uma análise do servidor DICOM (PACS) para o repositório local com posterior abertura da análise. Quando este comando é recebido, o DICOM Viewer pesquisa a análise no repositório local. Se a análise necessária

estiver no repositório local, o DICOM Viewer abre sua primeira série na janela de visualização de imagens planas. Se a análise desejada não estiver no repositório local, o DICOM Viewer envia uma solicitação ao servidor DICOM (PACS) e, após carregar os arquivos da análise, abre a primeira série da análise na janela de visualização de imagens planas;

Estão disponíveis amostras de ficheiros de configuração e páginas de teste do serviço HTTP RPC no arquivo **«HTTP_RPC_test_pages»** na página da ligação:
https://inobitec.com/por/downloads/dicomviewer/.

Para executar o comando **DownloadAndOpenStudy** utilizando os métodos C-GET ou C-MOVE, execute:

1. Ative os serviços DICOM e HIS/HTTP no DICOM Viewer selecionando o item **«Serviços»** no menu **«Rede»** (para mais detalhes, consulte as seções 13.1.1 e 13.1.2).

2. Envie uma solicitação HTTP RPC para abrir a análise enviando uma solicitação POST contendo um xml no formato especificado (o arquivo de amostra *downloadAndOpenStudy.xml* disponível na pasta **«HTTP_RPC_test_pages»**).

Os seguintes parâmetros são especificados no arquivo *downloadAndOpenStudy.xml*:

- **PatientID** (opcional) — ID do paciente cuja análise deve ser aberta;

- **StudyInstanceUID**=<**StudyInstanceUID 1**>\...\<**StudyInstanceUID N**> — lista de UIDs da pesquisa, que deve ser aberta. O parâmetro é obrigatório se o parâmetro **AccessionNumber** não estiver presente;

- **AccessionNumber**=<**AccessionNumber 1**>\...\<**AccessionNumber N**> — uma lista de números de registo de estudos a abrir. O parâmetro é obrigatório se o parâmetro **StudyInstanceUID** não estiver presente;

- **AET** — AE Title do servidor PACS;

- **IP** — é o endereço de rede do servidor PACS;

- **port** — porta DICOM do servidor PACS;

- **CommandType** (opcional) — maneira como as imagens são carregadas de um servidor PACS para o DICOM Viewer. Pode ser definido como «C-GET» (padrão), «C-MOVE» ou «WADO-RS». Ao usar o «C-MOVE», o servidor PACS deve ser configurado de acordo.

Se o **«Serviço DICOM...»** (ver Secção 13.1.1) estiver desligado, o descarregamento de dados do servidor PACS- só é possível através do C-GET. Neste caso) é transmitido ao servidor PACS, valor do parâmetro **«CLIENT»** da SCU.

Na Secção 20.3.3 são dados exemplos de ficheiros de configuração do serviço HTTP RPC.

Para executar o comando **DownloadAndOpenStudy** utilizando o serviço Web WADO perform:

1. Ligue o serviço HIS/HTTP no DICOM Viewer selecionando o item **«Serviços»** no menu **«Rede»** (consulte a Secção 13.1.2 para obter mais informações).

2. Envie uma solicitação HTTP RPC para abrir a análise enviando uma solicitação POST contendo um xml no formato especificado (o arquivo de amostra *downloadAndOpenStudy.xml* disponível na pasta **«HTTP_RPC_test_pages»**).

Os seguintes parâmetros são especificados adicionalmente no ficheiro *downloadAndOpenStudy.xml*:

- **WadoServiceRootPath** — o caminho para o serviço interno do servidor PACS que trata dos pedidos de pedidos WADO-RS;
- **IsWadoSecured** — ativar/desativar o protocolo https para a troca de dados com o servidor PACS ao descarregar dados utilizando o serviço WADO. Se o valor *true*, o protocolo https é utilizado para o intercâmbio de dados com o servidor PACS; se o *false* — protocolo http;
- **WadoPort** — valor da porta http ou https (consoante o valor do parâmetro IsWadoSecured);
- **WadoAuthLogin** — início de sessão para ligação ao servidor PACS;
- **WadoAuthPassword** — palavra-passe para ligação ao servidor PACS;

Para executar o comando **DownloadAndOpenStudy** utilizando o Web Service WADO, o parâmetro **CommandType** deve ser definido como «WADO-RS».

Na Secção 20.3.3 são apresentados exemplos de ficheiros de configuração do serviço HTTP RPC.

A lista de UIDs de estudos a descarregar deve ser transmitida como parte do valor do parâmetro **StudyInstanceUID** do pedido HTTP RPC. A transmissão da lista de números de registo dos estudos é efetuada no valor do parâmetro **AccessionNumber** do pedido RPC HTTP. Em ambos os casos, a transferência de listas de parâmetros é efetuada de forma semelhante à transferência de listas de parâmetros na linha de comandos (ver Secção 20.1).

Os valores dos parâmetros **StudyInstanceUID** e **AccessionNumber**especificados no arquivo *.xml* devem pertencer à mesma análise. Se os valores dos parâmetros **StudyInstanceUID** e **AccessionNumber** não corresponderem à mesma análise, ela não poderá ser carregada.

A lista de valores dos parâmetros **StudyInstanceUID** e **AccessionNumber** é compilada da seguinte forma: o primeiro valor do parâmetro **StudyInstanceUID** deve ser o primeiro valor do parâmetro **AccessionNumber**, o segundo valor do parâmetro **StudyInstanceUID** — o segundo valor do parâmetro **AccessionNumber** etc.

É possível buscar e carregar uma análise apenas pelo valor do parâmetro **AccessionNumber**. Para isso, exclua o valor dos parâmetros **PatientID** e **StudyInstanceUID** no arquivo *downloadAndOpenStudy.xml*, deixando apenas o valor dos parâmetros **AccessionNumber** e PACS (**AET**, **IP** e **port**).

Se os valores dos parâmetros **AET**, **IP** e **port** não forem especificados, a análise será carregada do servidor DICOM (PACS) instalado por padrão. Se os valores de 1 ou 2 dos 3 parâmetros especificados (**AET**, **IP** e **port**) forem fornecidos, o comando será considerado incorreto.

Você também pode usar a página de teste *testpage.html* na pasta **«HTTP_RPC_test_pages»**:

1. Ative os serviços DICOM e HIS/HTTP no DICOM Viewer selecionando o item **«Serviços»** no menu **«Rede»** (para mais detalhes, consulte as seções 13.1.1 e 13.1.2).
2. Abra a página *testpage.html*.
3. Preencha os seguintes campos:

- **AET** — AE Title do servidor PACS;
- **IP** — é o endereço de rede do servidor PACS;
- **Port** — porta DICOM do servidor PACS;
- **StudyUID** — UID da análise que deve ser aberta;
- **Destination IP** — endereço de rede do DICOM Viewer;
- **Destination port** — porta HTTP do DICOM Viewer.

4. Clique no botão **«Send command»**.

20.3.2 Comando «DisplayStudy»

- **DisplayStudy** — comando para abrir uma análise do repositório local. Quando este comando é recebido, o DICOM Viewer pesquisa a análise no repositório local. Se a análise necessário estiver no repositório local, o DICOM Viewer abre sua primeira série na janela de visualização de imagens planas. No momento em que este comando é recebido, os arquivos de análise já devem estar salvos no repositório local.

Estão disponíveis amostras de ficheiros de configuração e páginas de teste do serviço HTTP RPC no arquivo **«HTTP_RPC_test_pages»** na página da ligação:
https://inobitec.com/por/downloads/dicomviewer/.

Para executar o comando **DisplayStudy**, você deve:

1. Ative os serviços DICOM e HIS/HTTP no DICOM Viewer selecionando o item **«Serviços»** no menu **«Rede»** (para mais detalhes, consulte as seções 13.1.1 e 13.1.2).

2. Enviar uma solicitação HTTP PPC para abrir a análise enviando uma solicitação POST contendo xm1 no formato especificado (arquivo *displayStudy.xml* na pasta **«HTTP_-RPC_test_pages»**).

Os seguintes parâmetros são especificados no arquivo *displayStudy.xml*:

- **PatientID** (opcional) — ID do paciente cuja análise deve ser aberta;

- **StudyInstanceUID**=<**StudyInstanceUID 1**>\...\<**StudyInstanceUID N**> — lista de UIDs da pesquisa, que deve ser aberta.

Você também pode usar o script de teste *display.bat* na pasta **«HTTP_RPC_test_pages»**:

1. Ative os serviços DICOM e HIS/HTTP no DICOM Viewer selecionando o item **«Serviços»** no menu **«Rede»** (para mais detalhes, consulte as seções 13.1.1 e 13.1.2).

2. Edite o arquivo *displayStudy.xml*:

   - **PatientID** (opcional) — ID do paciente cuja análise deve ser aberta;
   - **StudyInstanceUID**=<**StudyInstanceUID 1**>\...\<**StudyInstanceUID N**> — lista de UIDs da pesquisa, que deve ser aberta.

3. Na linha de comando execute o script com os seguintes parâmetros:
   `display.bat [ip] [port]`
   onde:

- **ip** — endereço de rede do DICOM Viewer;
- **port** — porta HTTP do DICOM Viewer.

Na secção 20.3.3 são apresentados exemplos de ficheiros de configuração do serviço HTTP RPC.

A lista de UIDs de estudos a descarregar é transmitida como parte do valor do parâmetro **StudyInstanceUID** do pedido HTTP RPC. A transmissão da lista de parâmetros de parâmetros é feita de forma semelhante à transmissão da lista de parâmetros na linha de comando (ver Secção 20.1).

20.3.3 Arquivos de Configuração do Serviço HTTP RPC

A seguir estão exemplos de arquivos de configuração HTTP para o serviço RPC de chamada de procedimento remoto.

«downloadAndOpenStudy.xml» para o método C-MOVE

```
<?xml version="1.0" encoding="utf-8"?>
<methodCall>
  <methodName>DownloadAndOpenStudy</methodName>
  <params>
    <param>
      <value>
        <struct>
          <member>
            <name>PatientID</name>
            <value>
              <string>
              8211038be1bebb57fb131414a04818f4f5c8f25f4a02cccec2b0cc20
              \...\8211038be1bebb57fb131414a04818f4f5c8f25f4a02cccec2b0cc21
              </string>
            </value>
          </member>
          <member>
            <name>StudyInstanceUID</name>
              <value>
                <string>
                1.2.276.0.7230010.3.1.2.1658924591.30288.1727881038.636
                \...\1.2.276.0.7230010.3.1.2.1658924591.30288.1727881038.637
                </string>
              </value>
          </member>
          <member>
            <name>AET</name>
              <value>
                <string>PACS_Inobitec</string>
              </value>
          </member>
          <member>
```

```
            <name>IP</name>
              <value>
                <string>192.168.0.235</string>
              </value>
          </member>
          <member>
            <name>port</name>
              <value>
                <string>3000</string>
              </value>
          </member>
          <member>
            <name>CommandType</name>
              <value>
                <string>C-MOVE</string>
              </value>
          </member>
        </struct>
      </value>
    </param>
  </params>
</methodCall>
```


«downloadAndOpenStudy.xml» descarregamento de dados do servidor PACS através do WADO serviço


```
<?xml version="1.0" encoding="utf-8"?>
<methodCall>
  <methodName>DownloadAndOpenStudy</methodName>
  <params>
    <param>
      <value>
        <struct>
          <member>
            <name>PatientID</name>
            <value>
              <string>
              8211038be1bebb57fb131414a04818f4f5c8f25f4a02cccec2b0cc20
              \...\8211038be1bebb57fb131414a04818f4f5c8f25f4a02cccec2b0cc21
              </string>
            </value>
          </member>
          <member>
            <name>StudyInstanceUID</name>
              <value>
                <string>
                1.2.276.0.7230010.3.1.2.1658924591.30288.1727881038.636
                \...\1.2.276.0.7230010.3.1.2.1658924591.30288.1727881038.637
```

```
      </string>
    </value>
</member>
<member>
  <name>AET</name>
    <value>
      <string>PACS_Inobitec</string>
    </value>
</member>
<member>
  <name>IP</name>
    <value>
      <string>192.168.0.235</string>
    </value>
</member>
<member>
  <name>port</name>
    <value>
      <string>3000</string>
    </value>
</member>
<member>
  <name>WadoServiceRootPath</name>
    <value>
      <string>path/to/service</string>
    </value>
</member>
<member>
  <name>IsWadoSecured</name>
    <value>
      <string>false</string>
    </value>
</member>
<member>
  <name>WadoPort</name>
    <value>
      <string>8010</string>
    </value>
</member>
<member>
  <name>WadoAuthLogin</name>
    <value>
      <string></string>
    </value>
</member>
<member>
  <name>WadoAuthPassword</name>
    <value>
```

```
                <string></string>
              </value>
          </member>
          <member>
            <name>CommandType</name>
              <value>
                <string>WADO-RS</string>
              </value>
          </member>
        </struct>
      </value>
    </param>
  </params>
</methodCall>
```


«displayStudy.xml»


```
<?xml version="1.0" encoding="utf-8"?>
<methodCall>
  <methodName>DisplayStudy</methodName>
  <params>
    <param>
      <value>
        <struct>
          <member>
            <name>PatientID</name>
            <value>
              <string>
              8211038be1bebb57fb131414a04818f4f5c8f25f4a02cccec2b0cc20
              \...\8211038be1bebb57fb131414a04818f4f5c8f25f4a02cccec2b0cc21
              </string>
            </value>
          </member>
          <member>
            <name>StudyInstanceUID</name>
              <value>
                <string>
                1.2.276.0.7230010.3.1.2.1658924591.30288.1727881038.636
                \...\1.2.276.0.7230010.3.1.2.1658924591.30288.1727881038.637
                </string>
              </value>
          </member>
        </struct>
      </value>
    </param>
  </params>
</methodCall>
```

Chapter 21

Licenciamento

21.1 Período de teste

O período de teste permite que o usuário se familiarize com os recursos do DICOM Viewer usando-o sem limitação de funcionalidade por 14 dias. O único requisito é que o computador esteja conectado à Internet. Após 14 dias, o uso do DICOM Viewer torna-se impossível e você deve adquirir uma licença para continuar trabalhando. O período de teste para as edições **«Lite»** e **«Pro»** é calculado separadamente.

Com a ajuda de uma chave de licença, as versões do DICOM Viewer lançadas dentro de um ano a partir da data de compra da chave são ativadas. As versões lançadas após um ano não são ativadas, mas um período de teste está disponível para elas. Para estender o período de ativação de novas versões por mais um ano, adquira uma assinatura de atualização.

A partir da versão 1.11.0, módulos especializados são adicionados à edição «Pro». Esses módulos são licenciados e pagos separadamente. A funcionalidade principal permanece disponível na edição «Pro».

21.2 Primeiro lançamento, licenciamento

21.2.1 Registo no servidor de licenças através da Internet

O registro ocorre quando você inicia o DICOM Viewer.

Se você tiver uma chave de licença, selecione **«Licença...»** no menu principal **«Ajuda»**. Na janela aberta (Fig. 21.1) insira a chave de licença e clique em **«OK»** para confirmar a entrada ou **«CANCELAR»** para cancelar a entrada. Se a chave não for válida, a ativação não ocorrerá.

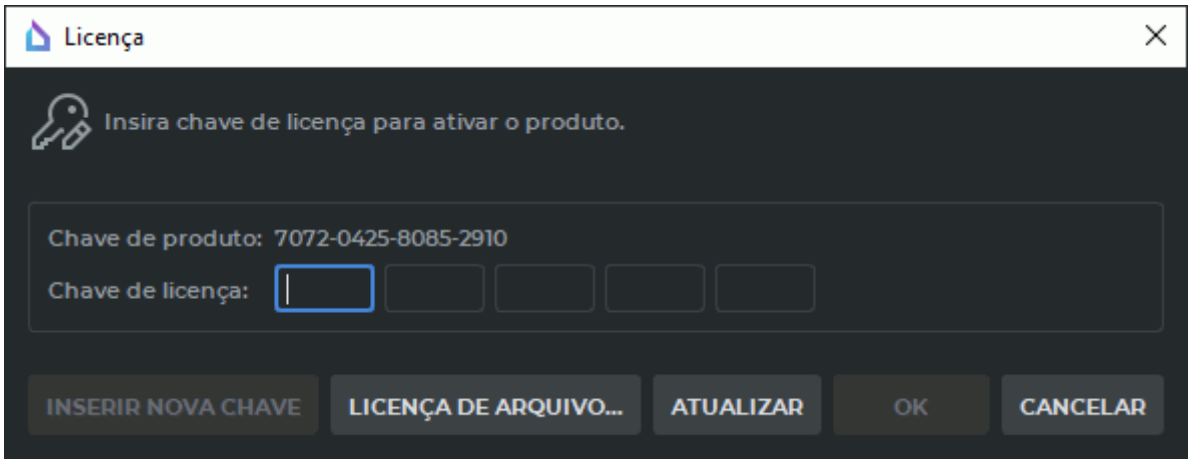


Figure 21.1: Janela de entrada da chave de licença

Para fechar o DICOM Viewer, selecione **«Sair»** no menu principal **«Arquivo»**.

Se a chave de licença comprada anteriormente não suportar a ativação de módulos adicionais e precisar ser substituída por uma nova, clique no botão **«INSERIR NOVA CHAVE»** e insira uma nova chave.

21.3 Comprando uma licença

Após 14 dias da ativação da versão de teste, após o lançamento do DICOM Viewer, a janela mostrada Fig. 21.1, e o trabalho adicional sem inserir a chave torna-se impossível.

Para comprar uma licença, vá para a seção **«Comprar»** **https://inobitec.com/por/buy/**. Para receber uma consulta, envie uma mensagem de correio eletrónico para **market@inobitec.com**.

Chapter 22

Sistema de ajuda e suporte ao usuário

22.1 Sistema eletrônico de ajuda

O sistema de ajuda on-line está disponível na interface do DICOM Viewer. Para poder usar o manual do usuário eletrônico, é necessário marcar os itens **Help->Assistant** para os idiomas necessários ao instalar o programa.

O sistema de ajuda é aberto no idioma definido para o DICOM Viewer. Se não houver arquivos de sistema de ajuda para o idioma selecionado ou se o sistema de ajuda não estiver instalado, quando você tentar iniciá-lo, aparecerá uma caixa de diálogo com a mensagem correspondente. Neste caso, é necessário reinstalar o DICOM Viewer marcando os itens **Help->Assistant** para os idiomas necessários durante a instalação.

O idioma da interface do sistema de ajuda corresponde ao idioma definido no sistema operacional.

22.1.1 Iniciando o e-Manual

O sistema de ajuda do usuário é sensível ao contexto, ou seja, permite abrir seções que descrevem elementos da interface, funções que o usuário está utilizando no momento. Existem três maneiras de iniciar o sistema de ajuda.

1. Através do menu principal. Abra o menu **«Ajuda»** do menu principal e selecione **«Sumário...»**. O sistema de ajuda abre em uma página contendo informações sobre a aba ativa.

2. Através da dica pop-up. Passe o mouse sobre o botão de interesse para exibir uma dica de ferramenta. Se este botão corresponder a uma página de ajuda, então a dica de ferramenta contém um link de **«Ajuda»** que, ao ser clicado, abre a página de ajuda desejada. As dicas de ferramentas são descritas na Seção 22.2.

3. Com uma tecla de atalho. Coloque o cursor no objeto de interesse da interface do programa: um botão, painel, caixa de diálogo, etc. e pressione a tecla de atalho para chamar o sistema de ajuda. Se um determinado objeto de interface corresponder a uma página, o sistema de ajuda será aberto nessa página.

Se o sistema de ajuda já estiver em execução, ele abrirá a página correta.

Se nenhuma página for especificada para o objeto de interface selecionado, o sistema de ajuda será aberto na última página visualizada.

22.1.2 Configurando o e-Manual

Por padrão, o estilo do programa QT Assistant é o mesmo do DICOM Viewer. Para desativar o uso do estilo DICOM Viewer, desmarque a caixa de seleção **«Usar a capa selecionada para Sistema de Ajuda»** (Seção 16.6).

22.2 Dicas

As dicas de ferramentas aparecem quando você move o cursor do mouse sobre um botão ou outro elemento da interface e contêm informações sobre esse elemento.

A dica de ferramenta para o botão contém as seguintes informações:

- Nome do botão;
- Tecla de atalho (se definida);
- Link para a página no manual do usuário eletrônico (se especificado);
- Uma apresentação de slides com uma breve demonstração dos recursos da ferramenta ou da área de visualização (se definido).

A apresentação de slides aparece 3 segundos depois que a dica de ferramenta aparece e é reproduzida em um loop. Você pode fechar a dica de ferramenta clicando no botão ou girando a roda do mouse. Se houver uma apresentação de slides para este botão, uma contagem regressiva na forma de pontos aparecerá na parte inferior direita da dica de ferramenta. Para que a apresentação de slides seja exibida, é necessário verificar o item **Slideshow Tips** ao instalar o DICOM Viewer.

O DICOM Viewer permite desativar a exibição de teclas de atalho em dicas de ferramentas, apresentações de slides ou desativar completamente as dicas de ferramentas. A configuração é descrita na Seção 16.1.

«Teclas de atalho»

A maioria das teclas de atalho pode ser alterada (Seção 16.8).

Observe que os atalhos de teclado padrão usam apenas letras latinas. Para usar esses atalhos, você deve ativar o layout de teclado em inglês.

Abreviaturas condicionais

LKM — botão esquerdo do mouse;

PKM — botão direito do mouse;

SKM — botão do meio do mouse;

KM — roda do mouse;

Esquerda — seta para a esquerda;

Direita — seta para a direita;

Avançar — seta para frente;

Voltar — seta para trás.

Atalhos de teclado comuns a todas as janelas

Para SO Windows e Linux	Para macOS	Ação
Ctrl + S	Command + S	Chama a caixa de diálogo para configurar uma conexão com os servidores DICOM
Ctrl + N	Command + N	Chama a janela de gerenciamento da fila de mensagens da rede
Ctrl + E	Command + E	Chama a Caixa de Diálogo de Configurações de Exportação de Imagem
Ctrl + Q	Command + Q	Sai do aplicativo

Para SO Windows e Linux	Para macOS	Ação
Ctrl + Z	Command + Z	Desfazer última ação
Ctrl + Y	Command+Y	Refazer uma ação desfeita

F1 — chama a ajuda;

F11 — muda para o modo de tela cheia e sai dele;

Esc — sair do modo de tela cheia.

Combinação de teclas para gerenciamento na janela de visualização de imagens planas

Para SO Windows e Linux	Para macOS	Ação
Alt + Delete	fn + option + Backspace	Exclui marcadores e medições
rotação da KM	Rolagem	Mudança de seção
Shift + LKM	Shift + LKM	Mudança de seção avançar
Ctrl + LKM	Command + LKM	Mudança de seção voltar
Movimento o cursor para cima/para baixo + LKM	Movimento o cursor para cima/para baixo + LKM	Deslocação para a frente/para trás nas imagens
Reposicionamento o cursor + PKM	Reposicionamento o cursor + PKM	Editar valores de janela/nível
Ctrl + KM	Command + Rolagem	Zoom
Shift + SKM		Mover uma imagem
PKM	PKM	Chama o menu de contexto
Ctrl + E	Command + E	Chama a Caixa de Diálogo de Configurações de Exportação de Imagem

[— Passar para a imagem anterior;

] — Passar para a próxima imagem;

H — virar a imagem horizontalmente;

V — virar a imagem verticalmente;

K — ativar a ferramenta «Marcador»;

N — ativar a ferramenta «Linha de marcador»;

I — ativar a ferramenta «Girar»;

Z — ativar a ferramenta «Zoom»;

M — ativar a ferramenta «Reposicionamento»;

W — ativar a ferramenta «Ajustar Janela/Nível»;

A — ativar a ferramenta «Ícone da seta»;

T — ativar a ferramenta «Ferramenta texto»;

O — ativar a ferramenta «Polígono»;

E — ativar a ferramenta «Elipse»;

R — ativar a ferramenta «Régua»;

C — ativar a ferramenta «Medição angular»;

J — ativar a ferramenta «Régua poligonal»;

B — ativar a ferramenta «Ângulo de Cobb»;

P — ativar a ferramenta «Valor de ponto»;

L — ativar a ferramenta «Retângulo ROI»;

Q — ativar a ferramenta «Elipse ROI»;

G — ativar a ferramenta «Polígono ROI»;

Y — ativar a ferramenta «DSA»;

Shift+A — mudar a projeção para axial;

Shift+C — mudar a projeção para coronal;

Shift+S — mudar a projeção para sagital;

F5 — exportar a imagem de acordo com as configurações mais recentes.

Combinação de teclas para gestão na janela de reconstrução volumétrica

Para SO Windows e Linux	Para macOS	Ação
rotação da KM, Ctrl + SKM	Rolagem	Zoom
Shift + SKM		Reposicionamento o modelo
Alt + SKM	Alt + SKM	Centralização o modelo
SKM	Option + LKM	Rotação do modelo
Atalho de teclado para ferramenta de «Caixa de Corte»		
Ctrl + botão do mouse que ativou a ferramenta	Command + botão do mouse que ativou a ferramenta	Escala Simétrica do Cubo de Visibilidade
Shift + botão do mouse que ativou a ferramenta	Shift + botão do mouse que ativou a ferramenta	Mover o cubo de visibilidade
Alt + botão do mouse que ativou a ferramenta	Option + botão do mouse que ativou a ferramenta	Rotação do cubo de visibilidade

I — ativar a ferramenta «Girar»;

Z — ativar a ferramenta «Zoom»;

M — ativar a ferramenta «Deslocar»;

C — ativar a ferramenta «Corte polígono»;

T — ativar a ferramenta «Remover mesa»;

W — ativar a ferramenta «Ajustar Janela/Nível»;

B — ativar a ferramenta «Caixa de Corte»;

R — ativar a ferramenta «Régua»;

J — ativar a ferramenta «Régua poligonal»;

K — ativar a ferramenta «Marcador»;

N — ativar a ferramenta «Linha de marcador»;

P — ativar a ferramenta «Selecionar o ponto de modelo»;

F5 — exportação de imagem de acordo com as configurações mais recentes;

1 — definir os valores recomendado Janela/Nível;

2 — definir os valores Janela/Nível para a visualização dos tecidos ósseos;

3 — definir os valores Janela/Nível para a visualização dos tecidos pulmonares;

4 — definir os valores Janela/Nível para a visualização dos tecidos cerebrais;

5 — definir os valores Janela/Nível para a visualização dos tecidos da caixa toráxica;

6 — definir os valores Janela/Nível para a visualização dos tecidos da cabeça e do pescoço;

7 — definir os valores Janela/Nível para a visualização dos tecidos do abdômen;

8 — definir dinâmica completa de valores de Janela/Nível.

Atalhos de teclado para operar na janela do visualizador de tags DICOM

Para SO Windows e Linux	Para macOS	Ação
Ctrl + F	Command + F	Abrir barra de pesquisa
Esc	Esc	Fechar barra de pesquisa
Ctrl + C	Command + C	Copiar célula selecionada

Atalhos de teclado para controlar a janela de reconstrução curvilínea

Para SO Windows e Linux	Para macOS	Ação
Ctrl + LKM na curva	Command + LKM na curva	Transição para um plano que passa por um ponto

Para SO Windows e Linux	Para macOS	Ação
Shift + deslocamento LKM	Shift + deslocamento LKM	Deslocamento da curva
PKM na curva	PKM na curva	Menu de contexto

Atalhos de teclado para gerenciar a janela de reconstrução multiplanar

Para OS Windows e Linux	Para macOS	Ação
Ctrl + rotação da KM	Command + Rolagem	Zoom
Shift + SKM		Mover uma imagem
rotação da KM	Rolagem	Mudança de seção

Esquerda , Direita, Frente, Voltar — mover os planos;

F5 — exportação de imagem de acordo com as configurações mais recentes;

Z — ativar a ferramenta «Zoom»;

M — ativar a ferramenta «Deslocar»;

K — ativar a ferramenta «Marcador»;

N — ativar a ferramenta «Linha de marcador»;

R — ativar a ferramenta «Régua»;

J — ativar a ferramenta «Régua poligonal»;

C — ativar a ferramenta «Medição angular»;

B — ativar a ferramenta «Ângulo de Cobb»;

P — ativar a ferramenta «Valor de ponto»;

L — ativar a ferramenta «Retângulo ROI»;

Q — ativar a ferramenta «Elipse ROI»;

G — ativar a ferramenta «Polígono ROI».

Atalhos de teclado para gerenciar a janela de endoscopia virtual

Para SO Windows e Linux	Para macOS	Ação
LKM no menu de navegação	LKM no menu de navegação	Definir posição da câmera
SKM		Rotação da câmera
Shift + SKM		Movimento da câmera
rotação da KM	Rolagem	Zoom
PKM	PKM	Menu de contexto

Esquerda , Direita — rotação do objeto em relação ao eixo da câmera;

Avançar, Voltar — mover o objeto ao longo do eixo da câmera;

R — ativar a ferramenta «Régua»;

K — ativar a ferramenta «Marcador»;

N — ativar a ferramenta «Linha de marcador».

Index

A

A aba 64
abertura 243
Abertura de análises DICOM por arrasta e solta 72
Abertura do projecto de segmentação . 391
Abrir estudos DICOM a partir do menu de contexto 73
Altura da janela 119
Anonimização 536
Análise de vasos **404**
Análise PET **442**
Apoio técnico 17
Armazenamento 68, **74**, 86, 514, 523
Armazenamento Local . . . **74**, 86, 503, 514, 523
Avaliação dos parâmetros de fluxo sanguíneo 157

C

Caixa de corte 245
Capa de aplicação 520
Cardiac function analysis **421**
Claridade 119
Configuração
  da barra de navegação do MPR . . . 459
  impressão em papel 60
Configurações 513
  de linha 205
  exportar 530
  monitor 517
  módulos 521
  qualidade de visualização 255
  tabelas de consulta de cores 188
  visualização 187
  área de trabalho 205
configurações
  importação 531
  importação de tabelas de cores . . . 531
Contraste 119
cortar volume invisível 243
Costura de camadas 283
Costura de imagens 180
crescer 243
crescimento de múltiplos segmentos . 243, **378**
crescimento de região 371
Cubo de orientação 215
curva de MPR 299

D

Derivações 468
Desempacotamento de séries 88
Desinstalação programas 32
Dicas 585
DICOM tags 216
digital subtraction angiography 212
dilatação 243
Disposição de imagem
  em grelha 110
  Empilhado 110
  personalizada 111
Disposição de séries
  Automático 107
  em grade 108
  Empilhado 107
  personalizada 109
  séries 106
DSA 212
DTI 325

E

ECG 69, **466**
Editar
  descrição 82
  nome de paciente 82
Editor de discos 86, **505**
  adicionando o DICOM Viewer a

uma imagem 508
entrada do cartão 510
erros de gravação 511
gravando no disco óptico
nos macOS 510
gravação em um disco óptico
nas OS Windows e Linux 508
Editor de protocolos **540**
Endoscopia virtual 69, 267, **457**, 592
exportar 465
medidas e marcadores 462
Movimento da câmera
automático 460
manual 461
reconstrução de polígonos 463
voo de câmara 460
erosão 243
Etiquetagem de imagens **473**
Exigências de sistema 32
Exportar a lista de estudos 84
Exportar marcadores 365
Exportação da estrutura para DICOM RT 361
Exportação de estrutura 361
Exportação de superfície 356

F

fechamento 243
filtros de frequência 471
Filtros de imagem 98
Full Screen Mode 66
função de transferência 190
Fusão camadas
automática 272
manual 273
por pontos 274
fusão camadas 269
Fusão de séries 69, **265**

G

glb 356

I

Importar marcadores 366
Importação de estrutura do DICOM RT 363
Importação de superfície 360
Impressão
em papel de alumínio 566
exportar 567
no papel 567
por padrão 565
impressão DICOM 563
Imprimindo
imagem de referência 561
Imprimir **553**
modelo de página 559
Instalação programas 32

J

jpg 210

L

Lançamento do Web Viewer 58
Lançamento programas 32
Largura da janela 119
Licença 582, **583**

M

Marcação da coluna vertebral 222
Multimonitorização 517

N

Navegação entre séries 103

O

obj 356, 419
Ordenação das análises 81
Orientação da câmera 463

P

Partilha de ecrã 95
pdf 69
Perfusão 141
Pesquisar **77**, **79**
PET 69
Plano axial 231, **290**
Plano coronal 231, **290**
Plano sagital 231, **290**
ply 356, 419
png 210
preencher 243
Primeiro lançamento do programa 53
Projecção de intensidade máxima 318
Projecção de intensidade mínima 318
projeção 231
Projeções em seções 203

R

Reconstrução MPR 68, 267, 269, **289**, 463, 591, *see* Reconstrução multiplanar

construção de superfície 299
criar série 321
espessura da camada 318
exportar 320
girar a imagem 319
inverter a imagem horizontalmente / verticalmente 320
linha de marcador 315
linha de marcador poligonal 316
marcador 314
modo de cursores 3D 295
modo de curva 299
modo secant planes 296
planos ortogonais 294
rotação de aviões de secant 295
Reconstrução volumétrica . . . 68, **230**, 267, 589, *see* Reconstrução 3D
centralizar 245
cortar esfera 240
cortar objeto 240
cortar tudo exceto objeto 240
Corte polígono 239
corte polígono invertido 240
deslocar 236
exportar rotação para arquivos 255
exportar rotação para séries 255
girar 237
marcadores 254
medição
Ícone da seta 252
medição angular 3d 251
orientação do modelo 236
remover mesa 244
remover osso
automático 261
manual 260
remover ossos 260
restaurar esfera 240
régua 247
régua de superfície 249
régua poligonal 247
selecionar o ponto de modelo 237
zoom 237
ângulos de rotação do modelo 236
Rede **487**, 501, 574, 577, 578
reduzir 243
Registo no servidor 582
registro de imagens 278
remover furos 243
remover ruído 243
Renderização AIP 318
Renderização MinIP 318
Renderização MIP 318
ROI
elipse 135
polígono 135

S

Salvar um projecto de segmentação . . . 391
Segmentação 335
Combinar estruturas 381
Interseção de estruturas 383
máscara 342
Subtrair dilatado 384
Subtração da estrutura 383
segmentação de árvore de vasos 373
Seleção de arquivo zip como fonte de dados 71
Servidor PACS 80
servidores PACS **494**
serviço DICOM 487
Sincronização de frames 225
Sistema de ajuda 584
skins 520
stl 356, 419
Superfície 349, 353
SUV 195

T

Tab display mode 66
Tabelas de consulta de cores 188
tags DICOM 532
Teclas de atalho 528, **586**
Tomografia de difusão 325

V

View flat images
medir o intervalo de tempo nos exames de ultra-sons 140
medição da velocidade do fluxo sanguíneo em exames de ultra-som . . 140
Visualizador de imagens **91**, 587
ADC 229
anotação gráfica 218
calibração do dimensionamento . . . 227
cardiothoracic ratio measurements 135
Deslocar 118

desvio padrão 134
eliminação de medições 139
executar 115
exportação 207
Girar 119
gravação de vídeo 116
invertido horizontalmente e verticalmente 227
lupa 128
medição angular 132
medição da distância TT-TG 137
medição de distâncias em exames de ultra-sons 140
medição de ângulos entre réguas de intersecção 130
mover o resultado da medição 139
mover uma medição 139
parâmetros de desenho 138
rotação 119
régua 130
régua poligonal 131
sincronização por ponto 227
valor de ponto 134
valor médio da intensidade 134
zoom 118
ângulo de Cobb 132
Visualizador ECG 69, **466**
Visualização
CPU 523
CUDA 230, **523**
Metal 230, 350, **523**
OpenCL 230, **523**
Visualização simultânea
de imagens 110
estudos 104
Volumes de «ligação» 285

Obrigado por escolher nosso produto! Os especialistas da Inobitec Software FZ-LLC trabalham diariamente para torná-la melhor. Seremos gratos a você por qualquer feedback, sugestões, sugestões destinadas a expandir a funcionalidade, melhorar a usabilidade e a qualidade da visualização.

Desejamos um trabalho de sucesso!